
Caracterización de texturas en tumoraciones hepáticas

Autor:

PESHEVSKI, MARKO

Bajo la tutela de:

CLARIÁ SANCHO, FRANCISCO

Febrero – Junio, 2015

*I have never been interested in winning by
one second. I want to win by ten minutes.*

It delights me much more.

— Walter Röhrl

Agradecimientos

Quisiera agradecerle sinceramente al tutor de este trabajo, FRANCISCO CLARÍA SANCHO, su tiempo dedicado, sus esfuerzos, sus ánimos y su interés. También quisiera mostrar la enorme gratitud que tengo, tanto a mi tutor como al Departamento de Cirugía Digestiva y la Unidad de Radiología, ambos del Hospital Universitario ARNAU DE VILANOVA de Lleida, por haberme brindado la oportunidad de participar en este proyecto que en un futuro, esperemos no muy lejano, podría ser de gran beneficio para la sociedad. De nuevo a mi tutor: he aprendido mucho contigo, no sólo en la realización de este trabajo sino también en clase, a lo largo de los años de la carrera. Además, quisiera darte las gracias en nombre de todos los alumnos con quienes he tenido el placer de compartir opiniones sobre ti, por hacer que la experiencia académica que hemos adquirido en tus asignaturas nos perdure en la memoria por largos años. *A buen entendedor, pocas palabras bastan.*

Por otra parte, querría aprovechar esta oportunidad para agradecer también a mi familia todo el apoyo que me han dado, desde siempre, pero en especial durante estos cuatro años, a lo largo de mi carrera universitaria. Tal vez para ellos este es un momento mucho más sentido que para mi, porque no todos los días puedes ver que tu hijo acaba una carrera universitaria. Estoy seguro de que algún día yo también viviré la experiencia desde el otro lado, desde el vuestro, y siempre me acordaré de todos vuestros consejos. Ви благодарам за сè во животот. Ве сакам многу.

Más allá, querría dedicarle en parte este trabajo y darle las gracias también a un compañero de largas batallas, en especial nocturnas, contra asignaturas que se resistían. Siempre hay que darlo todo y apuntar alto. DAVID MARTÍNEZ PIQUÉ, gràcies per tot, has estat un company infal·lible.

Por último, quiero hacer mención especial de alguien que sabe que siempre estaré agradecido, a él o a quien sea, por haberle encontrado. ALEIX CARDONA ZUECOS, gràcies per tot, ets dels millors amics que es poden tenir en la vida.

Mis disculpas si me dejo a alguien, no es intencionado.

Resumen del trabajo

Este trabajo se centra en el análisis de si es posible, conociendo de antemano que un paciente desarrollará una tumoración hepática, predecir usando imágenes de tomografía axial computarizada tempranas del hígado del paciente.

Para ello se aplican diversos procedimientos de procesamiento de imagen a las imágenes de los estudios de dicho paciente, para intentar resaltar un *artefacto* que se encuentra, en imágenes tempranas del seguimiento, justo donde más tarde el paciente desarrolla un hepatocarcinoma.

Estos procedimientos se exponen brevemente a continuación.

- Búsqueda de bordes en imágenes: se intenta buscar los bordes para intentar resaltar el *artefacto* directamente.
- Filtro de WIENER: se intenta minimizar la presencia de toda textura que no corresponde al *artefacto* en la imagen conflictiva.
- Diferencias entre imágenes: se intenta buscar diferencias entre la imagen conflictiva y las imágenes contiguas en la secuencia.
- Parámetros estadísticos: se intenta caracterizar la zona tumoral de las distintas secuencias mediante la extracción de medias y desviaciones típicas.
- Correlaciones: se intenta caracterizar la zona tumoral de las distintas secuencias mediante la correlación con otras zonas de la imagen, para comprobar que esta es, en realidad, distinta.

Índice general

Agradecimientos	v
Resumen del trabajo	vii
Lista de figuras	xiii
1 Introducción	1
1.1 Origen del problema	1
1.2 Hígado	3
1.2.1 Nociones básicas de su anatomía	3
1.2.2 Tipos de tejidos presentes en el hígado	3
1.2.3 Lesiones más frecuentes	4
1.2.4 Procedimientos de diagnosis	5
1.3 Tomografía axial computarizada	6
1.3.1 Historia	6
1.3.2 Motivación para su invención	7
1.3.3 Principio de funcionamiento	7
1.4 Procesado de imágenes (con MATLAB)	9
1.4.1 Principio de funcionamiento	9
1.4.2 DICOM	10
1.4.3 MATLAB	10
1.4.4 Filtros	10
1.5 Trabajo anterior	12
1.6 Objetivos perseguidos en este trabajo	14
2 Memoria	17
2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo	17
2.1.1 Mejora de contraste siguiendo la línea de [12]	17
2.1.2 Buscar bordes (con el operador de SOBEL y derivados)	21

2.1.3	Eliminación de <i>ruido</i> mediante el filtro de WIENER . . .	24
2.1.4	<i>Derivación</i> de una trama respecto a las tramas vecinas .	26
2.1.5	Extracción de parámetros estadísticos para comprobar que el tumor tiene, en realidad, una textura distinta	29
2.1.6	Correlación del trozo de tumor con otras zonas de la imagen relevante en las tres secuencias	42
2.1.7	Correlación del trozo de tumor, tras haber sustituido su textura por otra equivalente, con otras zonas de la imagen	44
2.2	Conclusiones	48
2.3	Recomendaciones para posibles trabajos futuros	49
Referencias		51
Anexo A Códigos MATLAB		55
A.1	Programa general del documento	55
A.2	Documentación del programa	56
A.3	Programa para cargar las imágenes e informaciones importantes	58
A.4	<i>Script</i> usado para la mejora de contraste	61
A.5	Función de mejora de contraste	63
A.6	<i>Script</i> usado para detección de bordes	66
A.7	<i>Script</i> usado para el filtro de WIENER	68
A.8	<i>Script</i> usado para <i>derivación</i> de una trama respecto a las tramas vecinas	70
A.9	<i>Script</i> usado para la extracción de parámetros estadísticos . . .	73
A.10	<i>Script</i> usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, sin alterar las texturas	91
A.11	<i>Script</i> usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, alterando las texturas	93
A.12	Algoritmo usado para generar una textura nueva con el mismo espectro de amplitud	96

Lista de figuras

1.1	Origen del problema, imagen sin ningún tratamiento especial . .	2
1.2	Segmentos en que se divide el hígado	3
1.3	Algunos de los ligamentos mencionados	4
1.4	Característica de <i>corte</i> de la TAC	7
1.5	Principio básico de funcionamiento de la TAC	8
1.6	La misma imagen con su contraste mejorado por ambos métodos descritos en la sección 1.5 (Trabajo anterior)	13
2.1	Ilustración de la transportación de un trozo de rango a otro . .	18
2.2	Los resultados de aplicar a las imágenes DICOM originales los valores de contraste descritos en la sección 2.1.1.2 (Niveles de contraste propuestos en este trabajo)	20
2.3	Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2	22
2.4	Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, en una zona más cercana al <i>artefacto</i>	23
2.5	Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado y tras haberla filtrado con el filtro de WIENER	25
2.6	Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrededor de la zona del <i>artefacto</i> , con el contraste mejorado y tras haberla filtrado con el filtro de WIENER	25
2.7	Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y la imagen anterior a ésta	27
2.8	Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y la imagen siguiente a ésta	27
2.9	Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrede- dor del <i>artefacto</i> , y la imagen anterior a ésta	28
2.10	Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrede- dor del <i>artefacto</i> , y la imagen siguiente a ésta	28

2.11	Comparación entre las medias y desviaciones típicas de la zona tumoral de las imágenes relevantes de cada secuencia	30
2.12	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 2	33
2.13	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 6	34
2.14	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 10	35
2.15	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 2	37
2.16	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 6	38
2.17	Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 10	39
2.18	Resultados de correlar las zonas sanas con la zona tumor de las imágenes relevantes en las tres secuencias	43
2.19	Efectos del algoritmo surrogate2	45
2.20	Resultados de correlar las zonas sanas con la zona tumor con surrogate2 de las imágenes relevantes en las tres secuencias . .	46

Capítulo 1

Introducción

1.1 Origen del problema

Este trabajo, siendo fruto de una colaboración entre un departamento médico y otro de ingeniería, ha nacido con una motivación evidente: investigar si, y cómo, se puede mejorar algún procedimiento existente hasta el momento, para conseguir avances útiles para la sociedad. Así, nació tras observar cuando ya era tarde, un *artefacto* un tanto sospechoso en las imágenes del seguimiento de un paciente con alta probabilidad de desarrollar un tumor de hígado. Ya era tarde porque dicho *artefacto* se observó *a posteriori*, después de que el paciente ya hubiera sido diagnosticado con un hepatocarcinoma (HCC), que se vería con claridad en los estudios posteriores.

Dicho *artefacto* se observa en una imagen del seguimiento del paciente relativamente temprana, justo en la zona donde más tarde se desarrollaría el HCC. En esta imagen, tomada y revisada por personal médico altamente cualificado, sin ningún tratamiento más allá del que se pueda dar desde la consola de operación de la máquina de tomografía axial computarizada (TAC), es prácticamente imposible divisar dicho *artefacto*. Sin embargo, parece ser que con el tratamiento de imagen adecuado, *debería* ser posible destacar esta *anomalía* para conseguir resaltarla más claramente. Es debido a esto que se hipotetiza con que éste *artefacto*, que no deja de ser una deformación en el tejido del hígado, puede marcar el lugar donde se desarrollará un HCC. Con esta hipótesis inicial nace el problema.

Así pues, la motivación para intentar resolver este problema también es evidente: cuanto antes se pueda tener alguna prueba de que el paciente se verá afectado por un tumor, antes se puede iniciar un tratamiento, para así tener mayores probabilidades de éxito que si el tratamiento se empezara más tarde.

Introducción

A continuación se muestra una figura donde se intenta que el lector vea el problema con sus propios ojos. En la Figura 1.1 se puede ver, de forma aproximada, la imagen que pudo estar viendo el personal médico cuando realizara el estudio del paciente. En esta figura se debería buscar el *artefacto* con forma de anillo, con un borde de color claro, blanquecino, en el cuadrante superior derecho de la imagen. Cabe recordar que esta imagen es sólo una entre cientos que componen una secuencia determinada, cosa que hace más difícil todavía que pueda llamar la atención cuando se está viendo la secuencia entera.

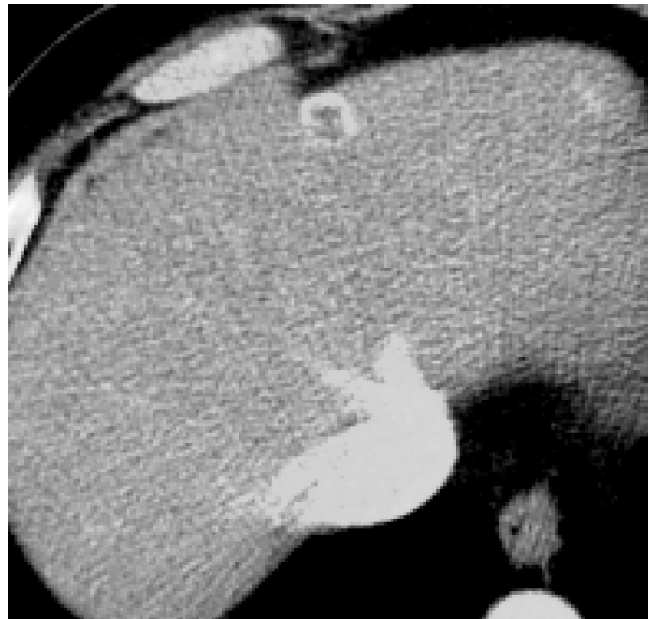


Figura 1.1. Origen del problema, imagen sin ningún tratamiento especial

1.2 Hígado

1.2.1 Nociones básicas de su anatomía

Tal como se cita en [1], el hígado es el mayor órgano del cuerpo humano, teniendo una masa de aproximadamente 2500 g en adultos, un diámetro mayor de 20 cm a 22.5 cm, siendo su medida vertical mayor de entre 15 cm y 17 cm. Tiene forma de cuña con la base a la derecha y el ápice a la izquierda. Está situado en la caja torácica, justo debajo del diafragma, compartiendo parte del espacio en la caja torácica con el estómago.

Su tejido (parénquima hepático) se compone principalmente por lóbulos unidos por un tejido areolar extremadamente fino en el cual se ramifican la vena porta, la arteria hepática, las venas hepáticas y nervios.

Normalmente se suele dividir en ocho segmentos, enumerados en el sentido de las agujas del reloj, definidos por primera vez por [2], tal como menciona [1]. Se divide en dichos ocho segmentos porque tal como muestra [2], entre ellos no existe circulación, y el drenaje biliar es específico para cada uno. Se muestran estos segmentos en la Figura 1.2.

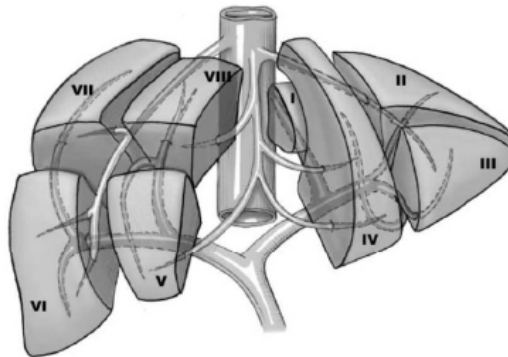


Figura 1.2. Segmentos en que se divide el hígado

1.2.2 Tipos de tejidos presentes en el hígado

Citando otra vez a [1], los lóbulos que conforman el parénquima hepático tienen alrededor de 2 mm de diámetro, una forma más o menos hexagonal, y se encuentran agrupados entorno a divisiones menores de la vena hepática.

Se denomina espacio porta a los espacios existentes en todo el parénquima donde se encuentran distribuidas las ramas menores de la vena porta, la arteria hepática y los ductos biliares.

Introducción

El hígado está fijado a la cara inferior del diafragma y a la pared ventral del abdomen por cinco ligamentos:

- ligamento falciforme
- ligamento coronario
- ligamento triangular derecho
- ligamento triangular izquierdo
- ligamento redondo

En la Figura 1.3 se muestran algunos de estos ligamentos, junto a los órganos de alrededor.

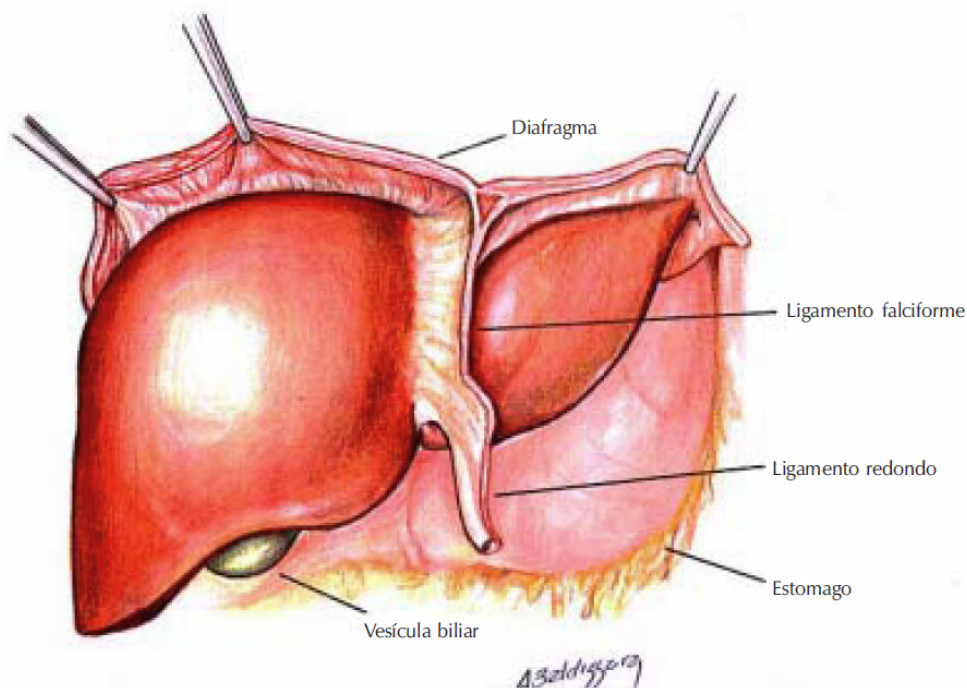


Figura 1.3. Algunos de los ligamentos mencionados. Figura extraída de [1]

1.2.3 Lesiones más frecuentes

Tal como muestran los autores del artículo [3], las lesiones hipervasculares más frecuentes que se suelen dar en el hígado son los hemangiomas (lesión hipervascular benigna), y el HCC (lesión hipervascular maligna). En cambio, las lesiones hipovasculares más frecuentes suelen ser el quiste hepático simple (lesión hipovascular benigna) y la metástasis (lesión hipovascular maligna).

También en [3] se llega a la conclusión de que el lóbulo hepático derecho, mayor que el izquierdo, es el más afectado por lesiones.

1.2.4 Procedimientos de diagnosis

Los procedimientos de diagnosis más comunes para el hígado suelen ser las tomografías axiales computarizadas o las resonancias magnéticas, tal como muestra el artículo [4].

En este artículo se describen varias maneras de practicar una TAC, entre las cuales se encuentran, entre otras: inyectando al paciente algún tipo de contraste por vía intravenosa, en fase de equilibrio, sin contraste.

Así pues, cuando se inyecta contraste, las imágenes obtenidas del hígado pasan por una serie de fases que permiten destacar más unas características u otras. Normalmente se consideran tres fases:

- fase arterial o portal: entre los 15 s y los 40 s, aproximadamente. Se suelen destacar tanto las lesiones metastásicas como los HCC.
- fase venosa: entre los 60 s y los 70 s, aproximadamente. Se suelen destacar las lesiones benignas.
- fase de equilibrio: entre los 90 s y los 150 s, aproximadamente. Las lesiones malignas normalmente se muestran hipodensas al parénquima (más claras).

1.3 Tomografía axial computarizada

1.3.1 Historia

Tal como se explica a lo largo de [5], la TAC no deja de ser un uso específico de una tecnología ya conocida, la radiografía mediante rayos X, usada por primera vez por el alemán WILHELM RÖNTGEN a finales del siglo XIX. El primer prototipo funcional de una máquina capaz de hacer TAC fue completado en el año 1973 por el ingeniero británico GODFREY HOUNSFIELD gracias a la financiación de la compañía EMI LIMITED¹.

Desde este primer prototipo esta técnica ha sufrido muchos cambios a lo largo de los años, aprovechándose del avance de la tecnología, en especial la informática, para llegar a producir las máquinas que conocemos hoy en día. Estas máquinas poseen ordenadores con alta capacidad de cálculo para procesar la enorme cantidad de imágenes que se obtienen.

En honor a su inventor, HOUNSFIELD, se sigue usando su apellido para describir las unidades físicas de los datos que se obtienen de los sensores detectores de rayos X en las imágenes de la TAC, las Unidades de HOUNSFIELD. Estas unidades marcan las densidades del trozo de tejido que se representa por un píxel en la imagen de la TAC. Así, se sabe que cuando un píxel es más denso que un valor de densidad de referencia, se verá más oscuro, y viceversa. El valor referencial de densidad que establece la escala de Unidades HOUNSFIELD es de 0 para el agua. A partir de este valor, se suelen tomar los valores de la Tabla 1.1 para algunos tejidos y sustancias del cuerpo humano.

Tabla 1.1. Valores de densidad en UH

Tejido/sustancia	UH
Aire	−1000
Pulmones	−200
Grasas	−100
Agua	0
Sangre	20
Riñón	30
Hígado	45
Músculo	50

¹Nota curiosa: en esa época, EMI era la discográfica que vendía los álbumes de los británicos THE BEATLES, quienes fueron de los inversores más relevantes en la investigación del equipo de HOUNSFIELD.

Tabla 1.1. Valores de densidad en UH (Continuación)

Tejido/sustancia	UH
Medios de contraste	200
Hueso denso	1000

1.3.2 Motivación para su invención

La principal ventaja de la TAC respecto a las técnicas anteriores es su capacidad de obtener imágenes de secciones axiales (transversales) a lo largo del eje vertical del cuerpo humano. Esto permite que las imágenes que se obtengan tengan un sentido tridimensional, por contra de las radiografías convencionales, que ofrecen imágenes longitudinales del paciente. En efecto, sabiendo la distancia entre *cortes* (imágenes), se puede saber cuánta materia esta representando cada píxel, para así pasar esta información a los denominados vóxels (píxeles volumétricos) y conseguir una representación en tres dimensiones del objeto escaneado.

Dicha característica permite reconstruir un modelo tridimensional de la zona escaneada, si esto fuera conveniente, de manera inversa a como una impresora de tres dimensiones corta el modelo en capas para poder construirlo. En la Figura 1.4 se representa esta característica.

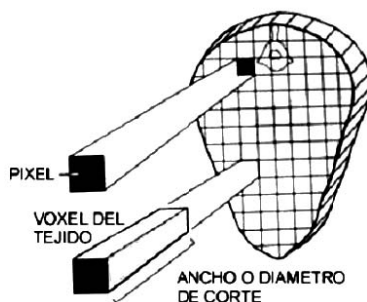


Figura 1.4. Característica de *corte* de la TAC. Figura extraída de [6]

1.3.3 Principio de funcionamiento

La TAC, como ya se ha dicho anteriormente, no deja de ser una utilización específica de la radiografía mediante rayos X. En la radiografía convencional, tanto el paciente como el emisor de rayos X y la película fotográfica donde se plasma la imagen deben permanecer inmóviles durante la exposición. En cambio, la TAC genera imágenes usando una camilla móvil, moviendo tanto el emisor

Introducción

de rayos X como los receptores (rotación), respecto al paciente, que se traslada pasando a través del haz de rayos X para escanear la zona deseada.

Normalmente hay un único haz de rayos X que se emite desde un único punto. Al lado contrario de la máquina se hallan unos receptores sensibles a la radiación que son capaces de transformar la información percibida en función del ángulo de rotación, que luego se transfiere a un ordenador para su posterior reconstrucción como imágenes con algún significado. En la Figura 1.5 se muestra un ejemplo de este proceso.

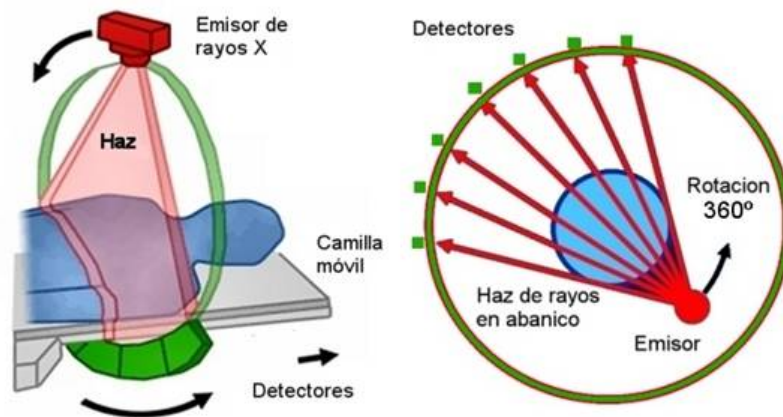


Figura 1.5. Principio básico de funcionamiento de la TAC. Figura extraída de [7]

1.4 Procesado de imágenes (con MATLAB)

1.4.1 Principio de funcionamiento

Tal como explican los autores de [8], cuando se trata de una imagen digital, esta no es más que una matriz bidimensional de cierto tamaño, donde cada uno de los elementos de dicha matriz (píxeles) no deja de ser un número. Si la imagen es una imagen en escala de grises, sólo habrá una única capa de *color*, mientras que si es una imagen en color normalmente habrá tres capas de color (tres matrices distintas), cada una indicando el valor de un color en concreto para cada posición de la matriz. Estos tres colores normalmente son el rojo, el verde y el azul, los colores que interpretan los conos presentes en la fovea ocular, aunque no es el único modelo de color que existe.

En el desarrollo de este trabajo sólo se trabaja con imágenes en escala de grises puesto que la información que se obtiene al realizar una TAC no tiene sentido de colores como tal. En la TAC, simplemente se usa la escala de grises para indicar que un cuerpo (según su nivel de gris, más o menos próximo al negro o al blanco) es más o menos denso. De hecho, tal como se ha explicado en la sección 1.3.1 (Historia), estos valores no dejan de ser UH.

Así pues, según con cuantos bits sea capaz de trabajar la máquina con que se hace la TAC, la escala de UH para la imagen estará representada con unos valores u otros. Los escaneos que se han usado para el desarrollo de este trabajo provienen de una máquina que trabaja con 12 bits. Es decir, la información está muestreada en $2^{12} = 4096$ niveles lógicos. Por tanto, sabiendo que la escala de UH toma valores del intervalo $[-1000, 1000]$, se sabe que las imágenes obtenidas serán en el intervalo $[-1024, 3071]$, conformado por los 4096 niveles lógicos.

Teniendo esto en cuenta, se puede establecer una conversión para transportar linealmente los datos del intervalo de 12 bits $[-1024, 3071]$ al intervalo de 16 bits interpretable por MATLAB $[0, 65535]$ de la siguiente manera:

$$valor_{16bits} = (valor_{12bits} + 1024) \cdot \frac{2^{16}}{2^{12}} \quad (1-1)$$

Esta relación se usará más adelante, a la hora de mejorar el contraste de las imágenes que se obtienen de la TAC.

1.4.2 DICOM

DICOM² es el nombre que se da al formato de las imágenes que se reciben de la máquina de TAC. Es un formato estandarizado que se usa en la comunidad médica para el intercambio de información visual digital. Además de los archivos de imágenes propiamente dichos, que pueden estar comprimidos con una variedad de estándares derivados de JPEG, cada archivo DICOM incluye información sobre el paciente y el escaneo que se ha realizado. Las imágenes que se usan en este documento no desvelan en ningún momento la identidad del paciente ni información alguna sobre el mismo.

1.4.3 MATLAB

Para el procesamiento de las imágenes en este trabajo se ha escogido usar MATLAB por su facilidad de uso y sus grandes recursos, tanto en materia de funciones incorporadas en el *software*, como la enorme cantidad de ejemplos de uso que se encuentran en la literatura. El paquete MATLAB ofrece toda una librería de funciones dedicadas al procesamiento de imágenes, la *Image Processing Toolbox*, compuesta por gran cantidad de funciones que permiten realizar operaciones de todo tipo con imágenes. Para profundizar sobre el conocimiento de la *Image Processing Toolbox* se ha consultado el manual [9]. Dicha *caja de herramientas* integra funciones que permiten, por ejemplo:

- Filtrar imágenes con filtros diseñados por el usuario
- Realizar correlaciones entre imágenes
- Filtrar imágenes con filtros *estándar*
- Realizar operaciones morfológicas
- Tratar la imagen por zonas o regiones de interés
- Hacer operaciones aritméticas con imágenes

1.4.4 Filtros

Conociendo que las imágenes en el dominio digital son matrices de dos dimensiones y que cada elemento de la matriz representa un píxel, se sabe que estas son, al fin y al cabo, la respuesta que se obtiene a la salida de algún tipo de sistema discreto. Por tanto, se pueden tratar, con mayor o menor facilidad debido al

²DICOM es un acrónimo que proviene de Digital Imaging and COmmunication in Medicine

número de elementos o a su bidimensionalidad, como si de una señal cualquiera se tratara, en un diagrama de bloques. Por tanto, se pueden diseñar filtros o funciones que den un resultado concreto conociendo el tipo de datos que reciben.

En **MATLAB**, los filtros no dejan de ser otras matrices de dimensiones reducidas que responden matemáticamente a una necesidad. Para obtener el resultado de filtrar una imagen con un filtro la operación a realizar es la denominada convolución. En sistemas discretos su cómputo es realmente sencillo, ya que tan sólo se trata de una operación de multiplicaciones elemento a elemento y sumas para obtener la salida deseada.

Para ampliar el conocimiento sobre sistemas discretos y sus propiedades y tratamiento de las señales se recomienda la lectura de [10, 11], ambas obras del tutor de este trabajo.

1.5 Trabajo anterior

En la Escuela Politécnica Superior, a lo largo del curso 2013 – 2014, se publicó un Trabajo Final de Grado con una temática similar al presente. En [12], la autora se centra principalmente en desarrollar un procedimiento, implementado en **MATLAB**, que sirve para mejorar el contraste de imágenes provenientes de TAC de hígado.

A lo largo de esta obra se demuestra, mediante un análisis estadístico exhaustivo, porqué es útil mejorar el contraste de las imágenes para poder visualizar mejor las tumoraciones. De todas formas, el método implementado por la autora tiene una limitación, al no admitir más de 2 niveles de contraste distintos. En el presente trabajo, más tarde en la sección 2.1.1 (Mejora de contraste siguiendo la línea de [12]), se propone una leve mejora de dicho procedimiento para que el algoritmo que realiza la mejora de contraste sea capaz de admitir tantos niveles de contraste como se necesite en cada caso.

Además, en esta sección se propone una visión distinta para obtener los valores para los niveles de contraste que se quiera dar a las imágenes respecto a [12], de manera que estos sean más polivalentes. Esto resultará especialmente útil cuando se quiera mejorar el contraste de las imágenes usadas en el presente trabajo puesto que se trata de escaneos que nada tienen que ver con los que se usaron en [12], y por tanto los valores de contraste usados originalmente no sirven para las imágenes presentes.

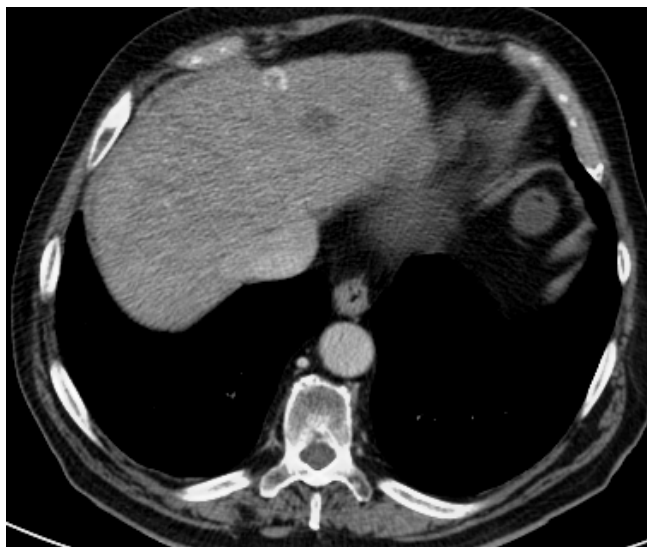
Aun así, el presente trabajo se basa en los mismos conceptos teóricos demostrados y probados por el trabajo anterior, ya que la mejora que se propone en este documento es más una mejora programática que de concepto. Para ilustrar este hecho se muestra, en la Figura 1.6, la misma imagen procesada por ambos métodos. Se puede comprobar como los valores que en [12] resultaban óptimos, en este caso no dan los resultados esperados.

Otro tema que trata la autora en [12] es la caracterización de la textura de un tumor hepático, usando un modelo sencillo, basado en polinomios. Lo que se hace en el trabajo anterior es observar cómo evolucionan los niveles de gris a lo largo de un tumor, tanto en un eje que lo cruza horizontalmente, como en otro que lo cruza verticalmente. En este trabajo, en cambio, se intenta dar otra perspectiva a esta caracterización. En las secciones 2.1.5 (Extracción de parámetros estadísticos para comprobar que el tumor tiene, en realidad, una textura distinta), 2.1.6 (Correlación del trozo de tumor con otras zonas de la imagen relevante en las tres secuencias) y 2.1.7 (Correlación del trozo de tumor, tras haber sustituido su

textura por otra equivalente, con otras zonas de la imagen), se intenta mostrar esta caracterización utilizando parámetros estadísticos, correlaciones con las imágenes inalteradas y correlaciones alterando las imágenes usando el espectro de frecuencias en dos dimensiones del trozo de tumor en las imágenes.



(a) Niveles de contraste de [12]



(b) Niveles de contraste según la sección 2.1.1.2

Figura 1.6. La misma imagen con su contraste mejorado por ambos métodos descritos en la sección 1.5 (Trabajo anterior)

1.6 Objetivos perseguidos en este trabajo

Los objetivos que se han perseguido a lo largo del desarrollo de este trabajo han sido los siguientes:

- Proponer mejoras al método descrito en [12], entre ellas:
 - que el algoritmo sea capaz de trabajar con mayor número de niveles, a poder ser indefinido;
 - una visión distinta para escoger los niveles de contraste a aplicar a la imagen (usando las unidades de HOUNSFIELD).
- Estudiar procedimientos orientados a resaltar el *artefacto* descrito en la sección 1.1 (Origen del problema).
- Caracterizar la textura de dicho *artefacto*.

Capítulo 2

Memoria

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

2.1.1 Mejora de contraste siguiendo la línea de [12]

2.1.1.1 Procedimiento

Este procedimiento se basa en el ajuste de intensidad de los valores de una imagen. Se pretende dispersar el histograma sin saturar los valores extremos, para conseguir que los cambios de tonalidad sean lo más destacados posible.

Matemáticamente, este proceso es sencillo, trata de transportar linealmente los valores de una función de un lugar del rango de la misma a otro, de forma lineal, con una pendiente constante, conservando la forma de la función. Esto se ilustra en la Figura 2.1.

En esta figura se observa, en la primera imagen, una función $f(x)$ cualquiera. En esta primera imagen también están marcados los intervalos que se quieren modificar del rango (a, a', b', b) . En la segunda imagen están dibujados los nuevos máximos (A, A', B', B) que se quieren dar a los intervalos originales (a, a', b', b) , con las pendientes que los unen. Se pretende que los valores del rango de la función $f(x)$ que antes estaban entre 0 y a , por ejemplo, tras aplicar este proceso, estén entre 0 y A . Se procede de manera similar con el resto de intervalos. A continuación se detallan las transformaciones que se desean hacer:

- $[0, a) \longrightarrow [0, A)$
- $[a, a') \longrightarrow [A, A')$
- $[a', b') \longrightarrow [A', B')$
- $[b', b] \longrightarrow [B', B]$

Para realizar estas transformaciones se puede definir una recta que tiene una pendiente entre dos puntos dados. Así, la recta sería:

$$f_1(x) = \left((f(x) - \min_o) \cdot \frac{\max_d - \min_d}{\max_o - \min_o} \right) + \min_d \quad \forall x \in [\min_o, \max_o) \quad (2-1)$$

En esta ecuación, cambiando los valores \min_o , \max_o , \min_d y \max_d acordeamente para cada intervalo de $f_1(x)$, donde los valores con un subíndice o significan origen y d significan destino, se obtiene la función de la tercera imagen de la Figura 2.1.

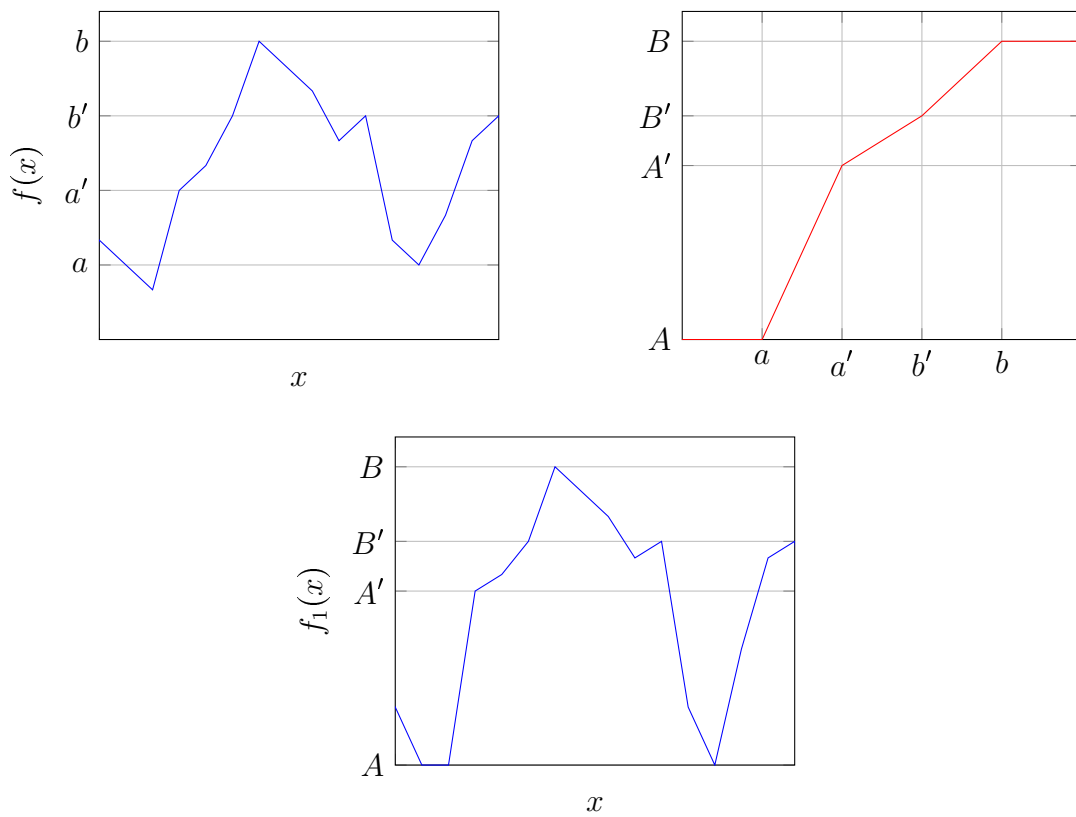


Figura 2.1. Ilustración de la transportación de un trozo de rango a otro

El código de la función que realiza esta mejora de contraste con imágenes en MATLAB se puede hallar en el anexo A.5 (Función de mejora de contraste).

2.1.1.2 Niveles de contraste propuestos en este trabajo

Debido a que las imágenes tratadas en este trabajo difieren de las que se trataron en [12], se necesitan valores nuevos para los intervalos de contraste, tal como se ha explicado en las secciones 1.4 (Procesado de imágenes (con MATLAB)) y 1.5 (Trabajo anterior).

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

Así pues, la visión que se propone en este trabajo es, siguiendo los valores de la Tabla 1.1 y utilizando con ellos la ecuación (1-1), encontrar valores en unidades de HOUNSFIELD que sirvan para mejorar el contraste de la mayoría de imágenes de TAC de hígado. Esto es posible ya que, dentro de un pequeño margen de variación, el cuerpo humano y sus tejidos normalmente tienen densidades parecidas.

Tras hacer varias pruebas, se ha concluido que unos buenos valores para cumplir dicho cometido serían los siguientes:

$$\begin{aligned} intervalosHounsfield &= [-120, 240, 300] \\ maximosIntervalos &= [100, 50000, 65435] \end{aligned}$$

Tras aplicar la ecuación (1-1) a *intervalosHounsfield* para obtener valores pertenecientes al rango interpretable por MATLAB [0, 65535], los valores serían:

$$\begin{aligned} intervalos &= [14464, 20224, 21184] \\ maximos &= [100, 50000, 65435] \end{aligned}$$

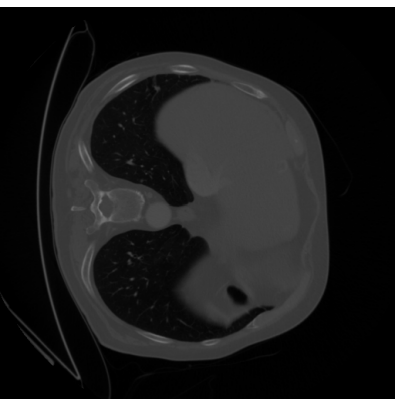
Siendo estos últimos *intervalos* y *maximos* los valores con los que se puede usar directamente la función descrita en el anexo A.5 (Función de mejora de contraste) para mejorar el contraste de las imágenes.

2.1.1.3 Resultados

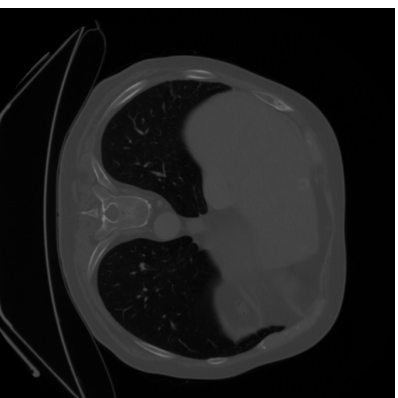
En la Figura 2.2 se ilustran los resultados de aplicar el método descrito a lo largo de esta sección. Se muestran tanto las imágenes originales tal como se leen del archivo DICOM que se recibe de la máquina de TAC, como las mejoradas con los valores de contraste descritos anteriormente.

Se muestra sólo una imagen de las tres secuencias de escaneos que se poseen del seguimiento del paciente, en el mes 2, el mes 6 y el mes 10. De estas secuencias se ha escogido, para el propósito de esta ilustración, la imagen considerada como más relevante. Es decir, la trama en donde más se observa el hecho que se quiere destacar (en este caso, el HCC).

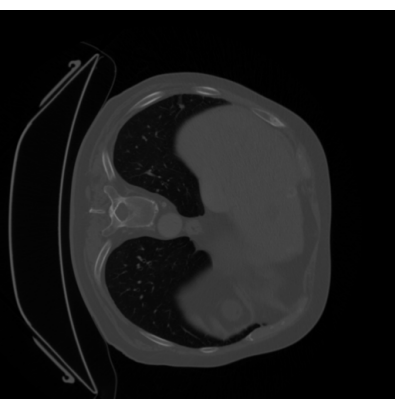
En la imagen del mes 2, tal como se describió en la sección 1.1 (Origen del problema) se puede observar, aunque con dificultad, el *artefacto*. Se ve como en las otras dos imágenes en el mismo sitio se encuentra presente un HCC. Este es más denso que el parénquima, y por tanto más oscuro. Esto último es claramente visible en el mes 10.



(a) Imagen original del mes 2



(b) Imagen original del mes 6



(c) Imagen original del mes 10



(d) Imagen con contraste mejorado del mes 2



(e) Imagen con contraste mejorado del mes 6



(f) Imagen con contraste mejorado del mes 10

Figura 2.2. Los resultados de aplicar a las imágenes DICOM originales los valores de contraste descritos en la sección 2.1.1.2 (Niveles de contraste propuestos en este trabajo)

2.1.2 Buscar bordes (con el operador de SOBEL y derivados)

2.1.2.1 Procedimiento

La primera idea con la que se ha trabajado para intentar resaltar el *artefacto* ha sido la búsqueda de bordes en imágenes. En la literatura clásica de procesamiento de imágenes, a menudo se encuentra un operador, llamado operador de SOBEL, que es una aproximación al gradiente de una función de más de una variable, aplicado a imágenes.

El operador de SOBEL muestra, para cada punto de la imagen (píxel), la magnitud del mayor cambio posible en los niveles, la dirección del cambio y el sentido, de oscuro a claro. Esto se consigue aplicando mediante convolución el filtro siguiente (G_x) para los cambios horizontales:

$$B_x = G_x * I = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} * I$$

Para los cambios en la dirección vertical hay que realizar la convolución con la traspuesta de la matriz G_x anterior:

$$B_y = G_y * I = \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix} * I$$

Una vez se ha filtrado la imagen original con G_x y G_y se puede obtener el resultado definitivo combinando el resultado de ambas direcciones mediante:

$$B = \sqrt{B_x^2 + B_y^2}$$

Si se quisiera conocer el ángulo en qué se producen estos cambios (bordes) en la imagen, sólo habría que calcular la dirección del gradiente:

$$\theta = \tan^{-1} \left(\frac{B_y}{B_x} \right)$$

MATLAB integra comandos para poder aplicar este operador a una imagen de manera sencilla. Más allá de la aplicación básica del operador de SOBEL existen varias mejoras al mismo. Una de ellas, también integrada en MATLAB, es

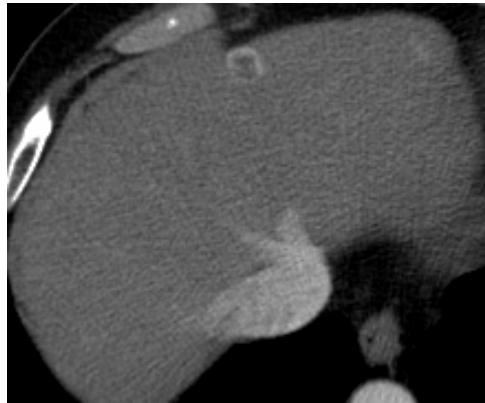
el algoritmo de CANNY, que además de buscar bordes también filtra la imagen con filtros Gaussianos del tipo paso bajo para eliminar el ruido que podría afectar a la detección de bordes.

2.1.2.2 Resultados

El código que genera estos resultados se puede encontrar en el anexo A.6 (*Script* usado para detección de bordes).

En la Figura 2.3 se muestran los resultados de aplicar el operador de SOBEL y el algoritmo de CANNY a la imagen más conflictiva, la del mes 2, donde sólo se ve vagamente el *artefacto*.

Como se puede observar en la figura, estos resultados no son concluyentes, ya que la aplicación simple del operador SOBEL ni siquiera diferencia entre las texturas del parénquima. En cambio, cuando se aplica el algoritmo de CANNY existen demasiados bordes en la textura del parénquima hepático que no deberían detectarse, impidiendo resaltar el *artefacto*.



(a) Imagen con contraste mejorado a la que se aplicarán el operador de SOBEL y el algoritmo de CANNY



(b) La imagen tras aplicar el operador de SOBEL



(c) La imagen tras aplicar el algoritmo de CANNY

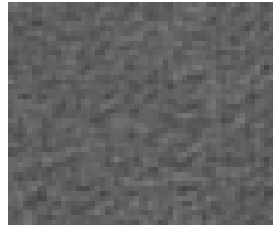
Figura 2.3. Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

En la Figura 2.4 se repiten las operaciones de la misma manera pero tomando un trozo más pequeño de imagen alrededor del *artefacto*.

Los resultados vuelven a ser inconcluyentes, igual que en el caso anterior, ya que la aplicación básica del operador de SOBEL apenas diferencia entre la textura del parénquima, y el algoritmo de CANNY detecta demasiados bordes.

Por tanto, parece ser que antes de intentar detectar el *artefacto* con estas técnicas primero haría falta algún tipo de procesamiento previo para hacer que dicho *artefacto* destaque más respecto a la textura del parénquima. El paso siguiente que se da en el documento es intentar *eliminar* de la imagen la textura del parénquima usando algún tipo de algoritmo o filtro para eliminar ruido. Se desearía que dicho algoritmo trate a la textura dada como si fuera ruido e intente minimizar su presencia en la imagen.



(a) Imagen con contraste mejorado a la que se aplicarán el operador de SOBEL y el algoritmo de CANNY



(b) La imagen tras aplicar el operador de SOBEL



(c) La imagen tras aplicar el algoritmo de CANNY

Figura 2.4. Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, en una zona más cercana al *artefacto*

2.1.3 Eliminación de *ruido* mediante el filtro de WIENER

2.1.3.1 Procedimiento

Tal como se ha descrito en la sección anterior (Buscar bordes (con el operador de SOBEL y derivados)), parece ser que lo que se necesita para destacar el *artefacto* en la imagen conflictiva del mes 2 es minimizar la textura de tejido sano.

Un filtro que parece ser ideal para esta aplicación es el filtro de WIENER, que se describe con bastante detalle en el capítulo 8 de [13]. En resumen, este es un filtro del tipo paso bajo que sirve para recuperar imágenes que hayan podido verse afectadas por ruido aditivo que sea relativamente uniforme y constante a lo largo de la imagen. En este caso, se pretende que el *ruido*, sea la textura que genera en la imagen de TAC el parénquima hepático sano.

El algoritmo que se usa en el anexo A.7 (*Script* usado para el filtro de WIENER) es el algoritmo `wiener2` proporcionado por MATLAB, que aplica el filtro de WIENER de forma adaptativa. Cuando detecta que la varianza de los píxeles vecinos al actual es mayor suaviza más ese trozo de imagen, y viceversa.

2.1.3.2 Resultados

El código que genera los resultados que se describen a continuación se puede hallar en el anexo A.7 (*Script* usado para el filtro de WIENER).

En la Figura 2.5 se muestran los resultados de aplicar el filtro de WIENER, y luego, con éste resultado, buscar los bordes en la imagen producida con el procedimiento descrito en la sección 2.1.2 (Buscar bordes (con el operador de SOBEL y derivados)).

En esta figura queda claro que aplicando el algoritmo de CANNY, tras haber filtrado la imagen con el filtro de WIENER, en la zona del *artefacto* existe algún cambio de niveles de relevancia con respecto al resto del parénquima. Aun así, este resultado no es concluyente y no puede generalizarse ya que está lejos de ser preciso, porque la búsqueda de bordes desvela otros muchos bordes más que siguen perteneciendo al parénquima sano.

Para intentar revelar con más precisión el *artefacto* se ha procedido a realizar este mismo procedimiento con un trozo de imagen más pequeño, manteniendo el *artefacto* de forma aproximada en el centro de la imagen. El resultado de este proceso es aún peor que el anterior, así que no lleva a ninguna conclusión útil para los objetivos de este trabajo.

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

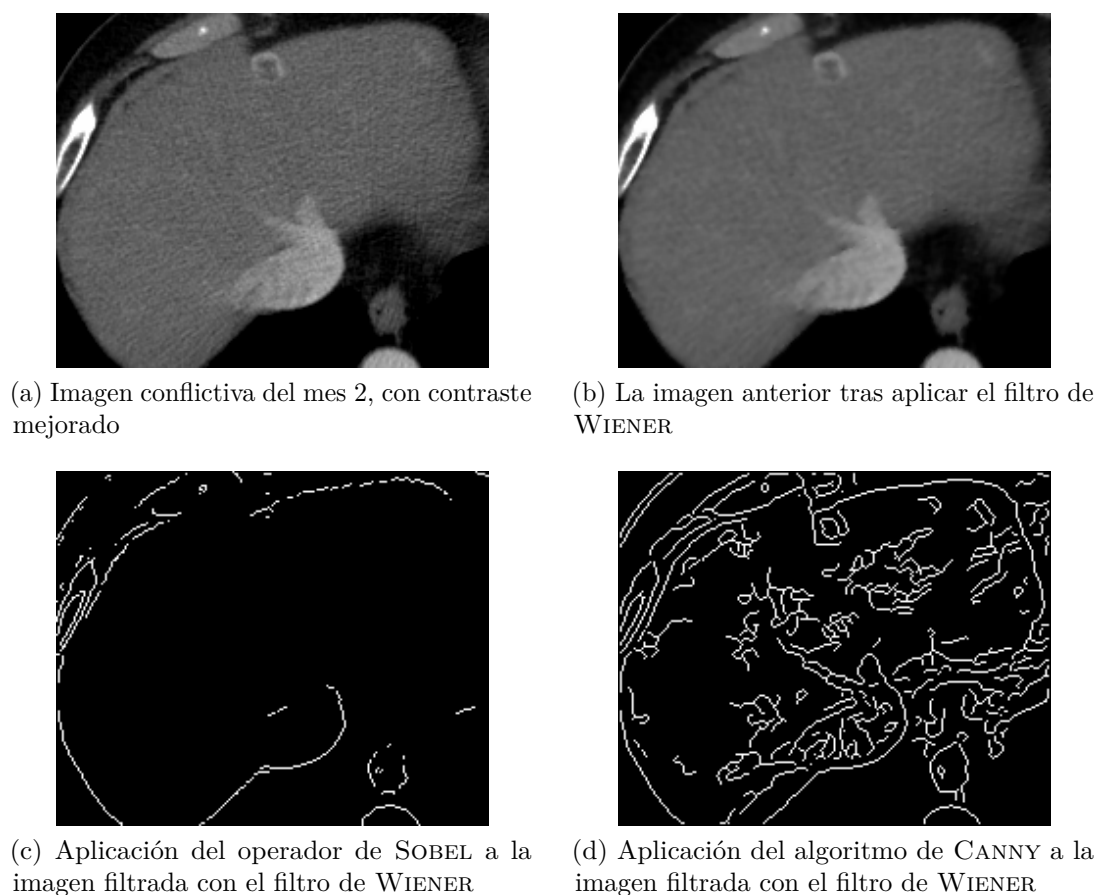


Figura 2.5. Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado y tras haberla filtrado con el filtro de WIENER

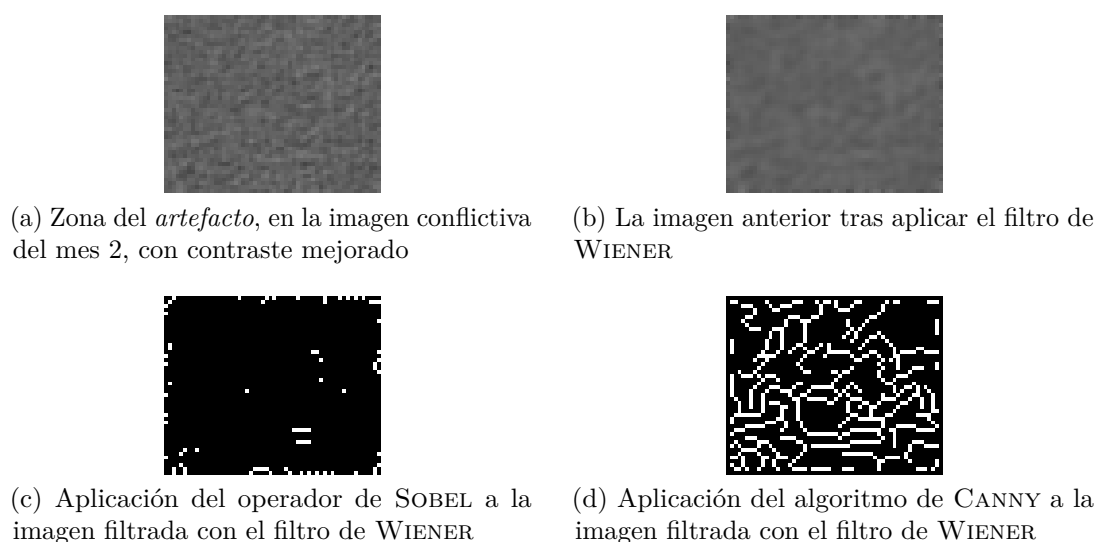


Figura 2.6. Detección de bordes en la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrededor de la zona del *artefacto*, con el contraste mejorado y tras haberla filtrado con el filtro de WIENER

2.1.4 *Derivación* de una trama respecto a las tramas vecinas

2.1.4.1 Procedimiento

Dejando atrás los procedimientos de eliminación de ruido y detección de bordes en la imagen, otra idea que se ha estudiado es la de intentar encontrar diferencias entre la imagen conflictiva donde mejor se aprecia el *artefacto* y las imágenes anterior y siguiente a ésta.

Debido a que en las imágenes anterior y siguiente no se puede ver con tanta claridad el *artefacto*, y a que la textura de parénquima sano es similar en ambas imágenes, se hipotetiza con qué esta técnica podría dar algún resultado. Este procedimiento se podría asimilar matemáticamente a realizar la primera aproximación, menos precisa, a la derivada de una función discretizada, tomando la derivada como la resta entre dos muestras contiguas.

Para poder realizar estas operaciones, se usa la instrucción `imabsdiff` de MATLAB, que resta las dos imágenes y devuelve el valor absoluto de la diferencia.

2.1.4.2 Resultados

El código que genera estos resultados se puede hallar en el anexo A.8 (*Script* usado para *derivación* de una trama respecto a las tramas vecinas).

En las figuras de las páginas siguientes se muestran los resultados, primero con una imagen mayor respecto a sus vecinas, y más tarde con una imagen más pequeña centrada alrededor del *artefacto*.

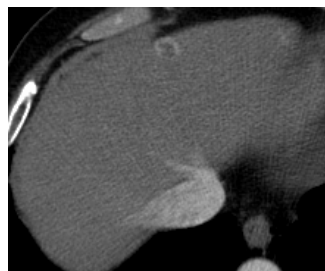
En las Figuras 2.7 y 2.8 se muestra el resultado de las diferencias de la imagen conflictiva con las imágenes anterior y siguiente a esta, respectivamente. Como se puede observar en estas figuras, los resultados no son para nada satisfactorios.

En las Figuras 2.9 y 2.10 se muestra el resultado de las diferencias de la imagen conflictiva, centrada alrededor del *artefacto*, con las imágenes anterior y siguiente a esta, respectivamente. Como se puede observar en estas figuras, a diferencia de las figuras anteriores, los resultados muestran algunas diferencias, pero estos no son para nada concluyentes.

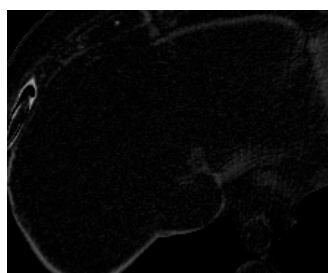
2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo



(a) Imagen conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado



(b) Imagen anterior a la conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado

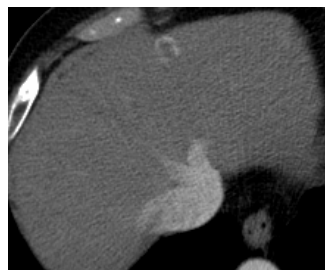


(c) Imagen con las diferencias absolutas de las dos imágenes anteriores

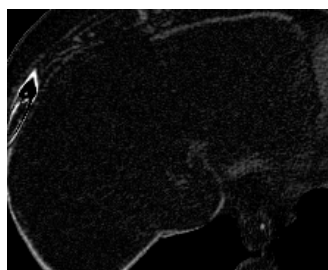
Figura 2.7. Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y la imagen anterior a ésta



(a) Imagen conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado



(b) Imagen siguiente a la conflictiva del mes 2, con el contraste mejorado



(c) Imagen con las diferencias absolutas de las imágenes anteriores

Figura 2.8. Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y la imagen siguiente a ésta

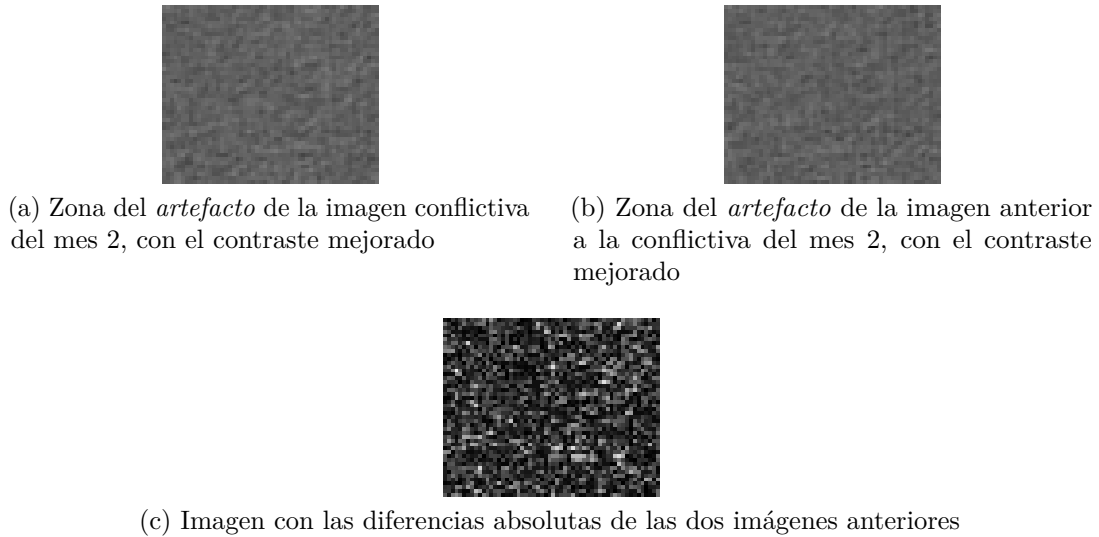


Figura 2.9. Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrededor del *artefacto*, y la imagen anterior a ésta

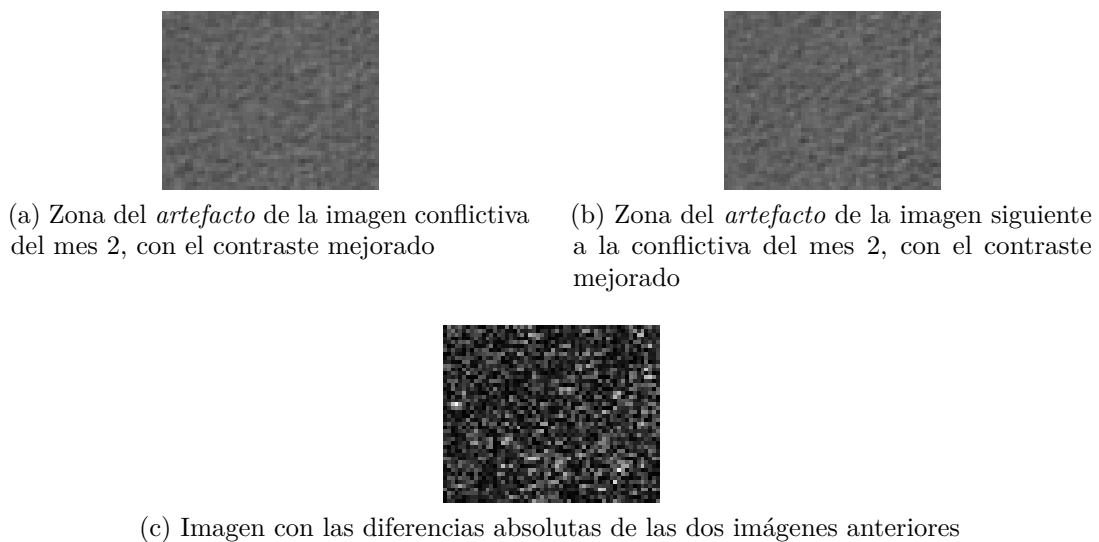


Figura 2.10. Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2, centrada alrededor del *artefacto*, y la imagen siguiente a ésta

2.1.5 Extracción de parámetros estadísticos para comprobar que el tumor tiene, en realidad, una textura distinta

2.1.5.1 Procedimientos

Viendo que los procedimientos descritos y experimentados anteriormente no han dado los resultados esperados se ha procedido a caracterizar la textura presente en el tumor, en los distintos escaneos que se tienen del paciente, para comprobar que en realidad existe alguna diferencia entre el parénquima hepático y ese trozo de imagen.

Para esto se han escogido pequeñas zonas de la imagen y se han extraído sus medias y desviaciones típicas para poder compararlas. Como zonas para extraer las medidas se han usado 6 zonas de tejido sano, escogidas al azar por el autor, además de la zona donde está presente el tumor en los meses 6 y 10, o el *artefacto*, en el caso del mes 2. Es decir, un total de 7 zonas para cada imagen. Además, estas medidas se han extraído en 12 de las imágenes que rodean a la imagen más relevante de cada secuencia, incluida ésta. Así pues, se obtienen un total de $7 \text{ zonas} \cdot 12 \text{ imágenes} = 84$ pares de medidas para cada secuencia.

Todas estas medidas se pueden contemplar desde muchas perspectivas distintas. En este trabajo se han comparado desde tres puntos de vista:

- comparando la zona tumoral de la imagen relevante de cada una de las tres secuencias entre sí;
- comparando la zona tumoral con el resto de zonas (sanas), de la imagen relevante de cada secuencia;
- comparando la zona tumoral de las 12 imágenes alrededor de la imagen relevante de cada secuencia.

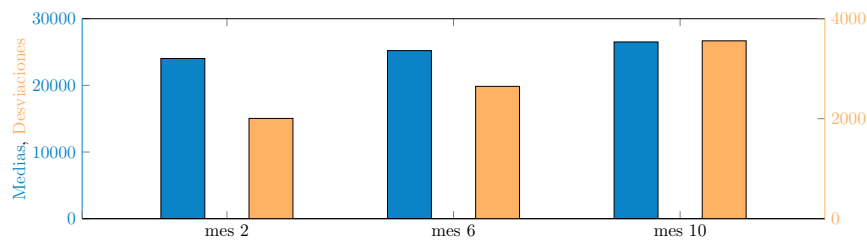
Para calcular estos parámetros, en el código del anexo A.9 (*Script* usado para la extracción de parámetros estadísticos), se han usado dos instrucciones de MATLAB: `mean2` y `std2`; para la media y la desviación estándar, respectivamente.

Los resultados se muestran en la sección siguiente, organizados según las perspectivas descritas anteriormente.

2.1.5.2 Resultados

Comparación de la zona tumoral entre las tres secuencias

En la Figura 2.11 se muestra la comparación de la zona tumoral de las tres secuencias disponibles. De esta figura se puede deducir, debido a que las imágenes son tomadas en momentos distintos de la evolución del tumor, que la media y la desviación estándar de dichas zonas no comparten ningún patrón. Además se ve que a medida que el tumor crece y se va haciendo mayor, la desviación estándar de su trozo de imagen crece, ya que hay mayor número de píxeles oscuros (más densos que el parénquima).



(a) Medias y desviaciones de la zona tumoral en la imagen relevante de cada una de las secuencias



(b) Imagen 6 del mes 2



(c) Imagen 8 del mes 6



(d) Imagen 10 del mes 10

Figura 2.11. Comparación entre las medias y desviaciones típicas de la zona tumoral de las imágenes relevantes de cada secuencia

Comparación de la zona tumoral con el resto de zonas de la imagen relevante de cada secuencia

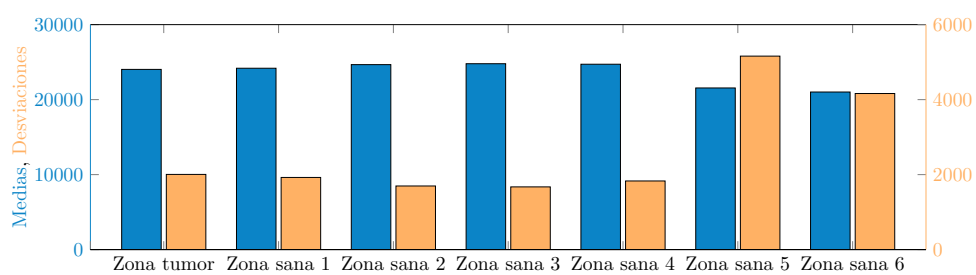
En las Figuras 2.12, 2.13 y 2.14 se muestra la comparación de las diferentes zonas sanas escogidas con la zona tumoral en la imagen más relevante de cada secuencia.

En la Figura 2.12, correspondiente al mes 2, se puede ver que entre las distintas zonas sanas que se han escogido en esta imagen no hay demasiada variación, en lo que a medias y desviaciones típicas respecta. Existen dos zonas (5 y 6) que tienen valores inusualmente bajos de media, y altos de desviación estándar. Se supone que esto puede deberse a que son zonas relativamente extremas del hígado, y hay más píxels oscuros, ya que en el resto de zonas estudiadas los valores son bastante cercanos entre si.

En la Figura 2.13, correspondiente al mes 6, ocurre algo similar a la figura anterior. La mayoría de zonas guardan algún parecido, pero en este caso hay 3 zonas (4, 5 y 6) que despuntan por valores de media distintos del resto y de desviación estándar más altos que el resto, siendo más del doble que el resto en el caso menos alejado (zona sana 5).

En la Figura 2.14, correspondiente al mes 10, se vuelve a repetir el mismo patrón de indiferencia entre las distintas zonas. En este caso solamente hay una zona que destaca respecto al resto (zona sana 5), que tiene una media ligeramente inferior y una desviación claramente superior al resto. Esto se debe a que hay varios píxels muy oscuros, de valor casi nulo, porque esta zona se encuentra cercana al borde del hígado.

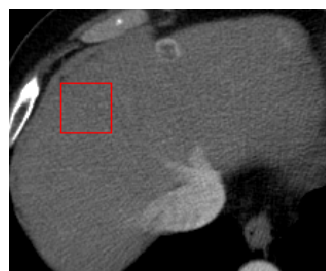
2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo



(a) Medias y desviaciones de las distintas zonas en la imagen relevante



(b) Zona sana 1



(c) Zona sana 2



(d) Zona sana 3



(e) Zona sana 4



(f) Zona sana 5

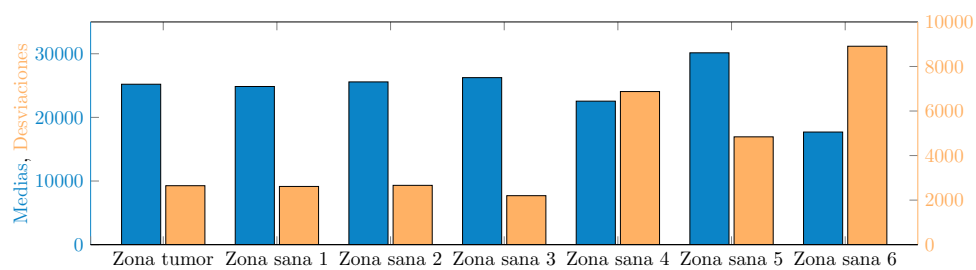


(g) Zona sana 6



(h) Zona tumor

Figura 2.12. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 2



(a) Medias y desviaciones de las distintas zonas en la imagen relevante



(b) Zona sana 1



(c) Zona sana 2



(d) Zona sana 3



(e) Zona sana 4



(f) Zona sana 5



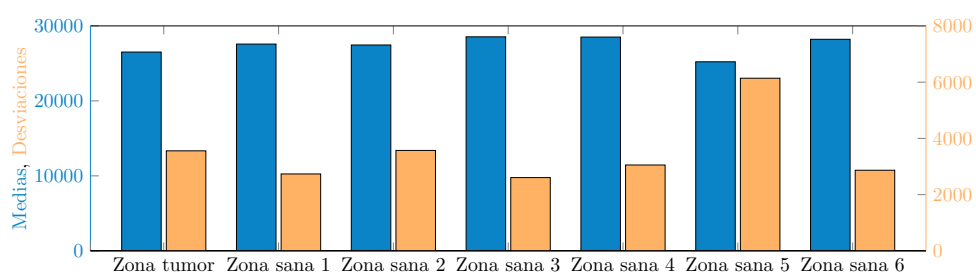
(g) Zona sana 6



(h) Zona tumor

Figura 2.13. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 6

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo



(a) Medias y desviaciones de las distintas zonas en la imagen relevante



(b) Zona sana 1



(c) Zona sana 2



(d) Zona sana 3



(e) Zona sana 4



(f) Zona sana 5



(g) Zona sana 6



(h) Zona tumor

Figura 2.14. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en varias zonas de la imagen relevante del mes 10

Comparación de la zona tumoral de las imágenes alrededor de la imagen relevante de cada secuencia

En las Figuras 2.15, 2.16 y 2.17 se muestra la comparación de la zona tumoral en las 12 tramas de la secuencia alrededor de la imagen relevante de cada secuencia.

En la Figura 2.15, correspondiente al mes 2, se ve como las medias tienen un ligero aumento entre las imágenes 4 y 12, y luego vuelven a disminuir levemente. Con las desviaciones típicas en cambio, ocurre un patrón destacable. Estas van disminuyendo al principio y tienen un mínimo en las vecindades (la imagen siguiente, 7) de la imagen que contiene el *artefacto* (imagen 6).

En la Figura 2.16, correspondiente al mes 6, las medias vuelven a seguir una tendencia de crecimiento similar a las de la figura anterior. Las desviaciones, en cambio, parece que sigan la tendencia marcada por la figura anterior hasta las imágenes 10 u 11. Sin embargo, a partir de la imagen 12 vuelven a disminuir, cosa que no ocurría en la figura anterior. Aun así, se sigue cumpliendo que la imagen siguiente a la que se ha escogido como *relevante* (imagen 9) tiene una desviación más baja que la relevante (imagen 8).

En la Figura 2.17, correspondiente al mes 10, las medias vuelven a seguir una tendencia similar a las anteriores, con un crecimiento claro entre las imágenes 3 y 6, y una disminución a partir de la imagen 7. Con las desviaciones estándar, por contra, no ocurre lo mismo que en las dos figuras anteriores. Ocurre lo contrario, ya que la desviación va incrementando a medida que uno se acerca a la imagen escogida como *relevante* (imagen 10), y tiene un máximo justo en la imagen siguiente (imagen 11), al revés de como ocurría en los dos casos anteriores.

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

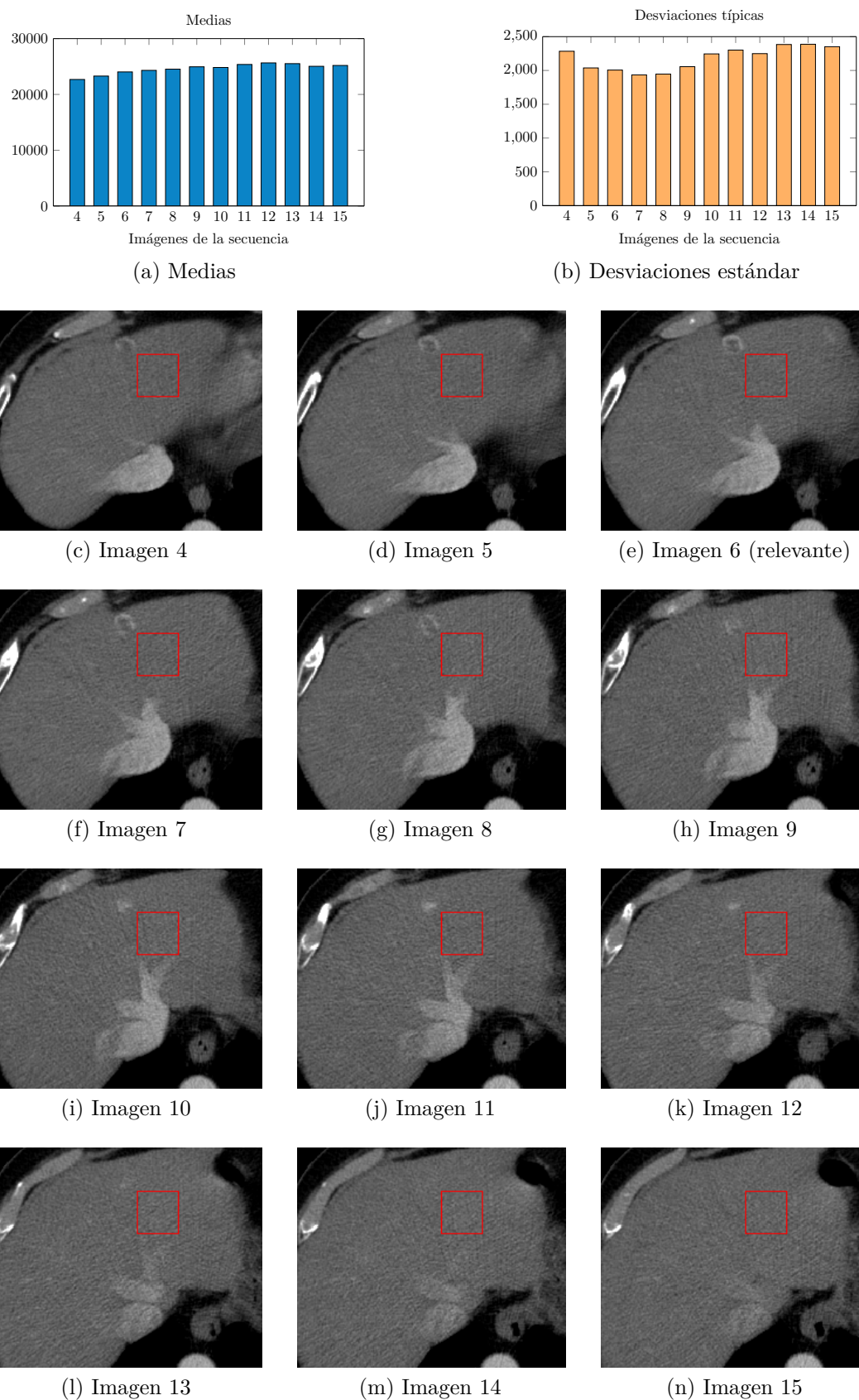


Figura 2.15. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 2

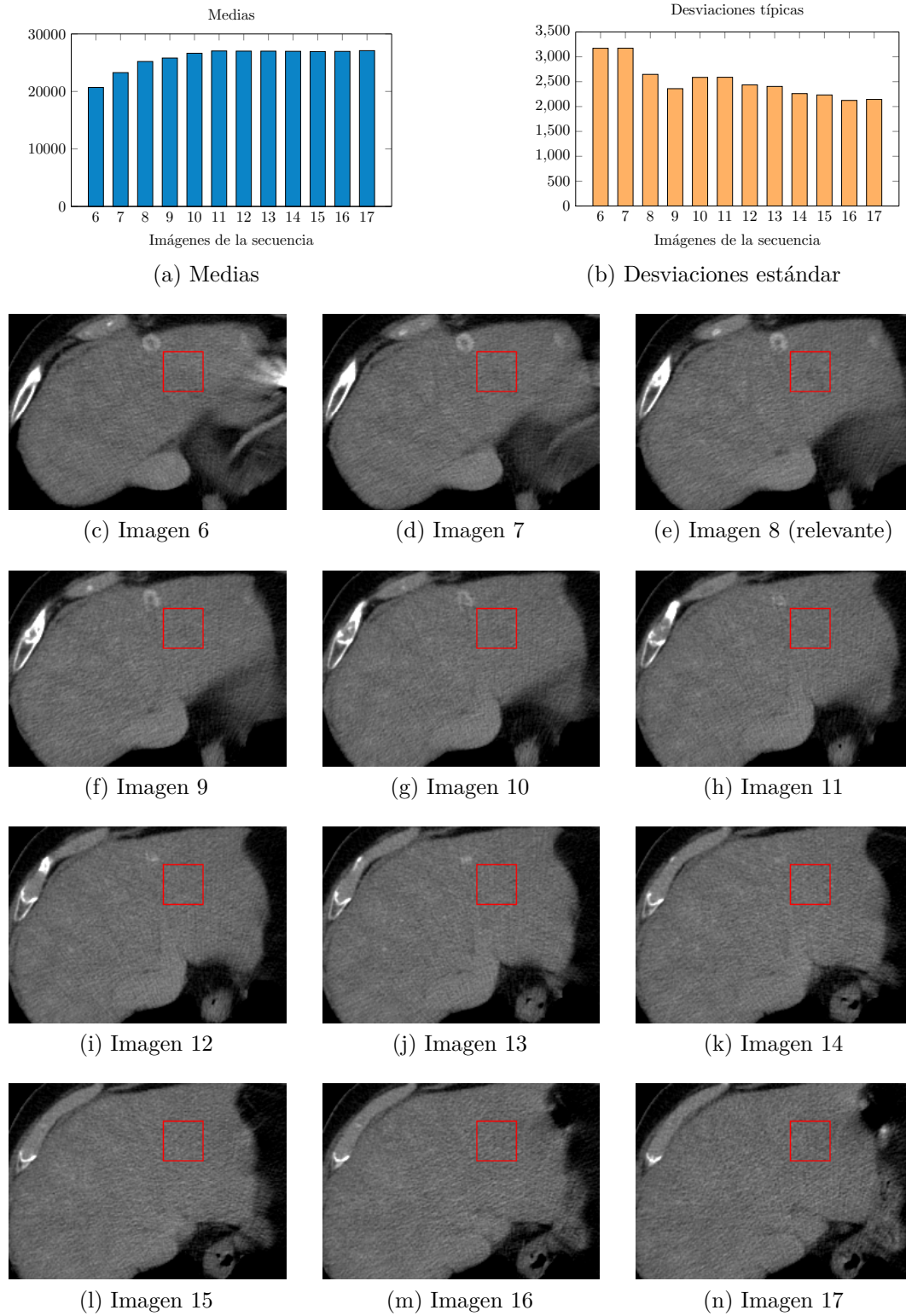
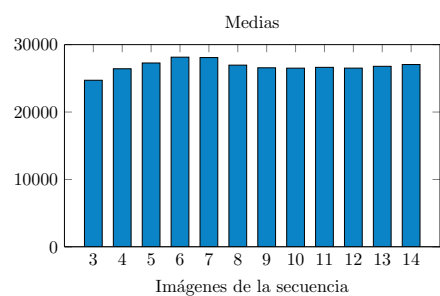
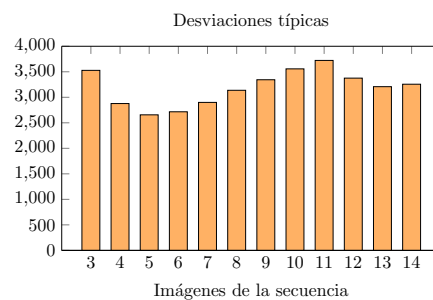


Figura 2.16. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 6

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo



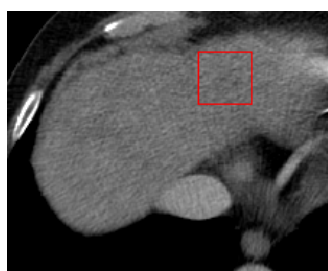
(a) Medias



(b) Desviaciones estándar



(c) Imagen 3



(d) Imagen 4



(e) Imagen 5



(f) Imagen 6



(g) Imagen 7



(h) Imagen 8



(i) Imagen 9



(j) Imagen 10 (relevante)



(k) Imagen 11



(l) Imagen 12



(m) Imagen 13



(n) Imagen 14

Figura 2.17. Comparación entre las medias y desviaciones típicas en muchas imágenes del mes 10

2.1.5.3 Conclusiones de estos procedimientos

Las medidas estadísticas extraídas no parecen ser suficientemente únicas del trozo de imagen analizado, ya que cualquier imagen que no tuviera nada que ver con el trozo estudiado podría llegar a tener los mismos parámetros estadísticos. Por eso hay que buscar alguna medida más robusta para caracterizar el trozo de imagen. Esta medida sin duda es el espectro de amplitud de la imagen.

De todas formas sí parece útil estudiar la evolución de una zona en concreto a lo largo de muchas imágenes de la secuencia de una TAC. Tomando una cantidad de datos suficientemente grande es posible que se pueda llegar a deducir algún patrón con respecto a la evolución de las desviaciones típicas de una zona concreta de esas imágenes.

2.1.6 Correlación del trozo de tumor con otras zonas de la imagen relevante en las tres secuencias

2.1.6.1 Procedimiento

Para poder comprobar que realmente el trozo de *artefacto* de la imagen relevante del mes 2 es una textura diferente al resto de parénquima sano, se han procedido a realizar correlaciones con los trozos de imágenes utilizados en las secciones anteriores, a fin de ver cuán parecidas son estas texturas entre sí.

Las correlaciones se han calculado usando los operadores elemento a elemento de MATLAB. En este caso, `.*` para el producto elemento a elemento de matrices. Esta operación multiplica los elementos de dos matrices del mismo tamaño, uno a uno. Luego, según la definición de correlación sólo hace falta sumar todos los elementos. A continuación se han normalizado las correlaciones para poder tener valores comparables entre sí, tomando como valor para la norma el valor que se obtiene de autocorrelar la zona del *artefacto* consigo misma. Así, todos los valores obtenidos pueden estar en el intervalo $[-1, 1]$, según el parecido que guarden con la zona del *artefacto*. Para evitar confusión, se ha tomado el valor absoluto de estos valores, ya que los valores negativos sólo quieren decir que las funciones correladas se parecen entre sí con el signo cambiado.

2.1.6.2 Resultados

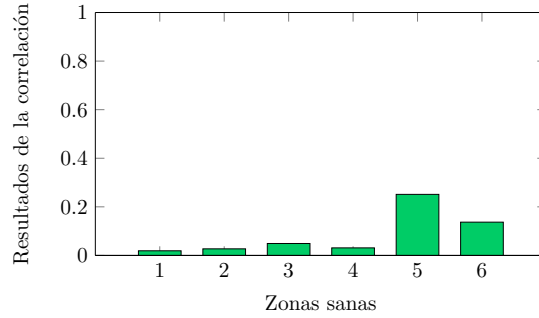
El código que genera estos resultados se puede hallar en el anexo A.10 (*Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, sin alterar las texturas).

En la Figura 2.18a se muestran los resultados de correlar la zona tumoral con el resto de zonas sanas escogidas, en la imagen conflictiva del mes 2. En esta figura se puede ver que, a excepción de un valor extremo en el que los trozos de imagen se pueden llegar a parecer hasta en un 25%, la textura del *artefacto* es, de hecho, distinta al resto de parénquima. Por tanto, esta conclusión confirma que no hay correlación entre las zonas sanas y la zona del *artefacto*.

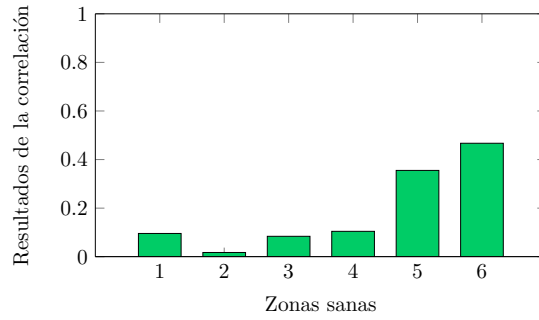
En la Figura 2.18b se muestran los resultados de correlar la zona tumoral con el resto de zonas sanas escogidas, en la imagen relevante del mes 6. En esta figura se puede ver que, exceptuando dos valores extremos, las texturas son distintas entre sí. Este resultado es el que se esperaba ya que se espera que las zonas sanas no contengan tumores.

2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo

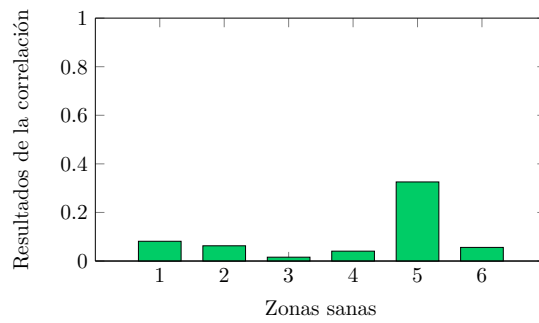
En la Figura 2.18c se muestran los resultados de correlar la zona tumoral con el resto de zonas sanas escogidas, en la imagen relevante del mes 10. En esta figura se puede ver que, exceptuando un valor extremo, ocurre lo mismo que en los dos casos anteriores. Es decir, que la textura de la zona tumoral es distinta del resto de parénquima. Este resultado vuelve a ser el que se esperaba ya que se espera que las zonas sanas no contengan tumores.



(a) Mes 2, imagen 6



(b) Mes 6, imagen 8



(c) Mes 10, imagen 10

Figura 2.18. Resultados de correlar las zonas sanas con la zona tumor de las imágenes relevantes en las tres secuencias

2.1.7 Correlación del trozo de tumor, tras haber sustituido su textura por otra equivalente, con otras zonas de la imagen

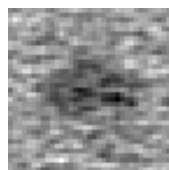
2.1.7.1 Procedimiento

Tras haber comprobado que las texturas presentes en las zonas tumorales de las imágenes relevantes de cada secuencia son distintas al resto de texturas del parénquima sano, en esta sección se pretende comprobar si esto se sigue cumpliendo, generando una textura nueva que cumple tener el mismo espectro frecuencial de amplitud e histograma que la textura tumoral original.

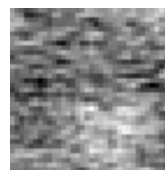
Esto se consigue aplicando, antes de correlar los trozos de imagen, al trozo del tumor, un algoritmo proporcionado por el tutor de este trabajo, llamado **surrogate2**, que se puede hallar en el anexo A.12 (Algoritmo usado para generar una textura nueva con el mismo espectro de amplitud), que genera una textura nueva que cumple tener el mismo espectro de amplitud e histograma que el trozo de imagen que recibe como argumento. Esta textura nueva, visualmente no tiene el mismo sentido que la que se entró originalmente, ya que los píxeles se encuentran cambiados de orden aleatoriamente. Aun así cumple tener el mismo espectro de amplitud e histograma que la textura de entrada, y esto debería hacer que los resultados de la correlación sean igual de válidos que si se hiciera con el trozo original.

El resultado del algoritmo **surrogate2** se ilustra en la Figura 2.19. En esta figura se observa la textura tumoral original de la imagen relevante del mes 10, el resultado que se obtiene de alterarla con el algoritmo y los espectros de ambas, que son iguales.

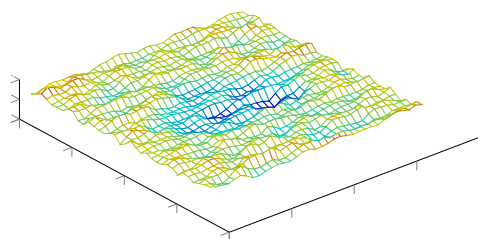
2.1 Procedimientos estudiados a lo largo del trabajo



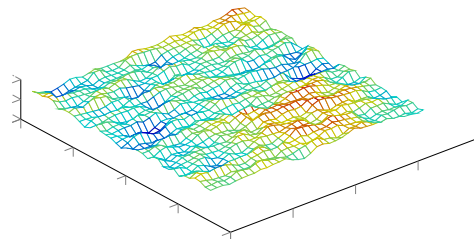
(a) Zona tumoral del mes 10, sin alterar



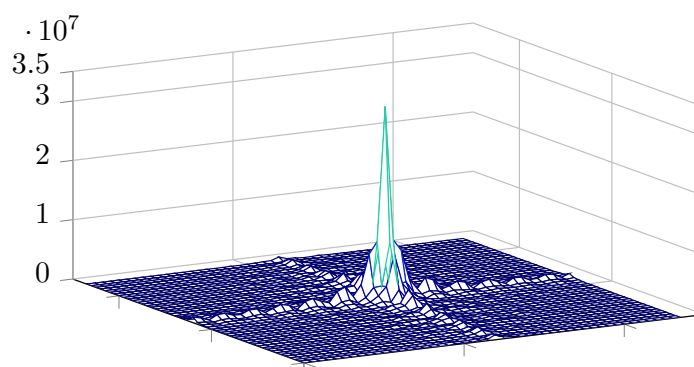
(b) Zona tumoral del mes 10, alterada con **surrogate2**



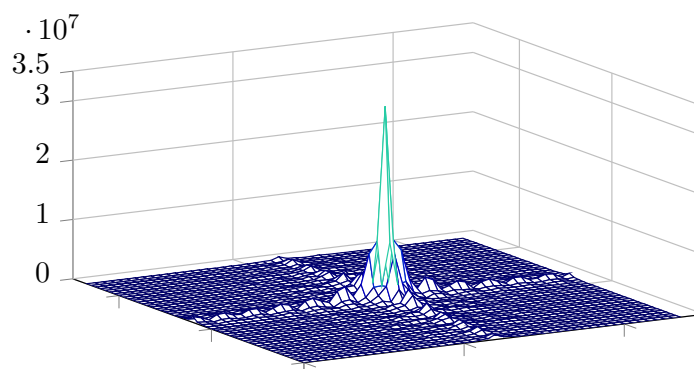
(c) Representación tridimensional de la zona tumoral sin alterar



(d) Representación tridimensional de la zona tumoral alterada



(e) Espectro de la zona tumoral sin alterar



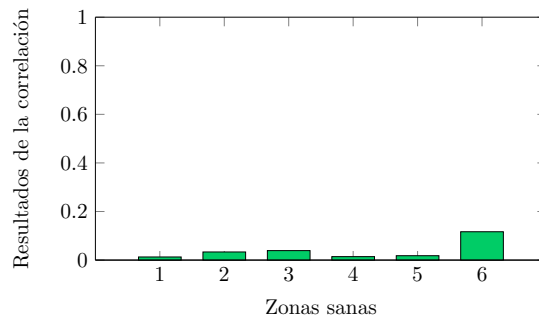
(f) Espectro de la zona tumoral alterada

Figura 2.19. Efectos del algoritmo **surrogate2**

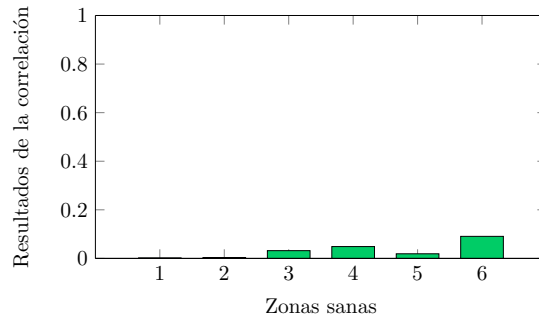
2.1.7.2 Resultados

Estos resultados son generados por el código del anexo A.11 (*Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, alterando las texturas).

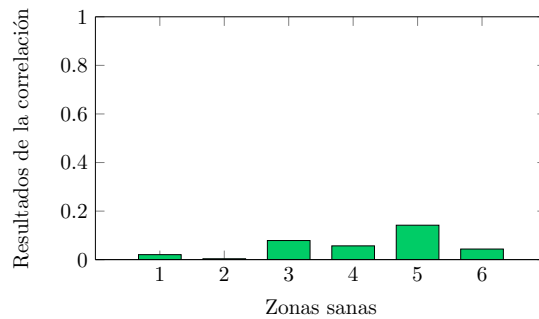
En la Figura 2.20 se observa que lo descrito en la sección anterior se sigue cumpliendo, como era de esperar. Es decir, generando una textura tumoral nueva, con el mismo espectro de amplitud e histograma que la original, las correlaciones vuelven a mostrar, para todas las secuencias, que la zona del tumor es distinta del resto del parénquima sano, pero con unos valores de correlación sensiblemente menores.



(a) Mes 2, imagen 6



(b) Mes 6, imagen 8



(c) Mes 10, imagen 10

Figura 2.20. Resultados de correlar las zonas sanas con la zona tumor con `surrogate2` de las imágenes relevantes en las tres secuencias

2.2 Conclusiones

- Las técnicas de detección de bordes y similares podrían ser útiles en una fase de desarrollo más madura de esta investigación. En este estadio tan temprano de la misma no lo han sido porque no se ha sabido eliminar de forma efectiva el resto de textura del parénquima para que quede sólo el *artefacto*.
- La *derivación* (buscar diferencias entre las imágenes anterior y siguiente a la *conflictiva*) no ha tenido ninguna aportación útil en este trabajo. Aun así, podría tenerlo en otra línea de investigación, si se consiguiera poner en práctica utilizando imágenes del mismo lugar en el hígado en dos momentos distintos del desarrollo de la enfermedad, que sean hechas con los mismos parámetros en la máquina de la TAC, consiguiendo así unos niveles de contraste lo más parecidos posible.
- La extracción de parámetros estadísticos como la media y la desviación típica de trozos de imágenes no ha parecido tener ningún sentido útil en este trabajo. Esto se debe a que las texturas analizadas son muy parecidas entre sí, y dichos parámetros estadísticos no son suficientes para caracterizarlas de forma robusta. Podrían ser útiles si se trabajara con mayor volumen de datos o como un primer paso hacia la caracterización de alguna textura.
- En la imagen conflictiva del mes 2, que contiene el *artefacto*, efectivamente existe alguna anomalía con respecto al parénquima hepático, tal como se ha demostrado en las secciones 2.1.6 y 2.1.7.

El procedimiento estudiado en la última sección mencionada ha demostrado ser más robusto para la detección de tumores. Además, los valores bajos de correlación hallados entre tejido tumoral y tejido sano con este procedimiento, indican que existe una estructura frecuencial diferente entre estos dos tejidos.

- Las correlaciones de un trozo de imagen con otros trozos de la misma imagen para comprobar que existen diferencias pueden resultar útiles dependiendo del fin con qué se acaben usando. Esto es así debido a que en este caso se ha tenido muy claro dónde se halla en trozo de imagen con el que hay que comparar el resto, pero no sería trivial encontrar una manera de aplicar esta técnica a cualquier TAC en general.

2.3 Recomendaciones para posibles trabajos futuros

- Considerar reconstruir el modelo en tres dimensiones de los escaneos. Esto podría ayudar a visualizar las cosas con mayor detalle y dar mejor idea de qué está pasando en realidad, en especial en la zona del *artefacto*.
- Si se tuviera que seguir investigando en la línea de la imagen conflictiva del mes 2, buscar y emplear más filtros o algoritmos de eliminación de ruido, para intentar suavizar la textura del parénquima sano y dejar en evidencia el *artefacto*.
- Probar de realizar las comprobaciones de la sección 2.1.7 (Correlación del trozo de tumor, tras haber sustituido su textura por otra equivalente, con otras zonas de la imagen), pero esta vez usando el espectro de fase en vez del espectro de amplitud. De esta manera no se obtiene el mismo histograma, sin embargo la textura conserva los vestigios de la textura original.
- Disponiendo de un archivo de tumores más extenso, se podría estudiar e intentar encontrar un histograma patrón, para posteriormente generar una textura tumoral extraída de este histograma, que sirva para caracterizar el tumor.

Referencias

- [1] V. G. da Silveira and J. R. Filho, *El trasplante hepático en el comienzo del milenio*. Rio de Janeiro: Atheneu Hispânica, 2006.
- [2] C. Couinaud, *Le foie: études anatomiques et chirurgicales*. Paris: Masson, 1957.
- [3] G. A. M. Ramírez, E. A. Blancas, R. A. C. Sprung, and L. I. González-Merino, “Caracterización de lesiones hepáticas focales con tomografía computada multidetector,” *Anales de Radiología México*, vol. 1, pp. 46–58, Enero–Marzo 2012.
- [4] R. Baron L., “Understanding and optimizing use of contrast material for CT of the liver,” in *Body CT Categorical Course (American Roentgen Ray Society, New Orleans, April 1994)*, vol. 163 of *American Journal of Roentgenology*, (New Orleans, United States of America), pp. 323–331, American Roentgen Ray Society, 1994.
- [5] S. C. Bushong, *Manual de radiología para técnicos*. Houston, Texas, United States of America, sexta ed., 1999.
- [6] H. Aguinaga, J. Riveira, L. Tamayo, M. Tobón, and R. Osorno, “Tomografía axial computarizada y resonancia magnética para la elaboración de un atlas de anatomía segmentaria a partir de criosecciones axiales del perro,” *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, vol. 19, pp. 451–459, 2006.
- [7] A. González Arias, “Las matemáticas y la tomografía,” *Juventud Técnica Digital*, Julio 2012. Artículo en línea: <http://mail.fisica.uh.cu/bibvirtual/vidaytierra/tomografia/index.htm>.
- [8] M. Nixon and A. Aguado, *Feature extraction and image processing*. Newnes, primera ed., 2002.
- [9] The MathWorks, Incorporated, *MATLAB Product help*, 1984-2010.
- [10] F. Clariá Sancho, *Tratamiento de la señal*. Lleida: Universitat de Lleida, 2012.
- [11] F. Clariá Sancho, *Transformada Z. Sistemas realimentados discretos. Filtrado digital*. Lleida: Universitat de Lleida, 2012.
- [12] M. Puigdemasa Nieto, “Caracterización de tumoraciones hepáticas mediante análisis de texturas,” trabajo final de grado, Universitat de Lleida, Escola Politècnica Superior, Junio 2014.

Referencias

- [13] J. L. Semmlow, *Biosignal and Biomedical Image Processing, MATLAB-Based Applications*. New Jersey, United States of America: Robert Wood Johnson Medical School, 2004.

Anexo A

Códigos MATLAB

A.1 Programa general del documento

Este es el programa que se usa para ejecutar todo lo descrito a lo largo del trabajo y mostrar todas las figuras.

Código A.1. Código que ejecuta y muestra todo lo explicado a lo largo del trabajo

```
1 % Script que carga todas las imagenes e informacion relevante
2   cargar;
3
4 % Script que ejecuta la funcion contrasteMarko
5   scriptcontraste;
6
7 % Script que hace todo lo relacionado con busqueda de bordes
8   bordes;
9
10 % Script que aplica el filtro de Wiener
11   wiener;
12
13 % Script que busca diferencias entre imagenes
14   derivacion;
15
16 % Script que hace todo lo relacionado con los parametros estadisticos
17   scriptestadistica;
18
19 % Script que hace todo lo relacionado con las correlaciones sin
    surrogate2
20   correlaciones_sin_surrogate;
21
22 % Script que hace todo lo relacionado con las correlaciones con
    surrogate2
23   correlaciones_con_surrogate;
24
25 % Funcion que muestra una especie de documentacion para saber mas
    sobre la
26 % estructura de datos generada por este programa
27   documentacion;
```

A.2 Documentación del programa

Esta es una función que se usa para mostrar una especie de documentación relativa al programa del Código A.1 y la estructura de datos que genera éste, usada en los códigos siguientes.

Código A.2. Función que muestra una documentación sobre el Código A.1

```
1 function muestraDocumentacion
2     fprintf('\n\n\n\n\n"Documentacion":\n');
3     fprintf('Dentro de la estructura ''im'' tienes todas las secuencias,
4         mes a mes.\n');
5     fprintf('Para cada secuencia existe una estructura de datos
6         igual:\n');
7     fprintf('originales: las tramas tal como se leen de los archivos
8         DICOM\n');
9     fprintf('nombre: el nombre de esa secuencia\n');
10    fprintf('numero: el numero de tramas en esa secuencia\n');
11    fprintf('tramasIndexadas: las tramas originales indexadas con
12        gray2ind\n');
13    fprintf('mapaColor: el mapa de color que se obtiene con gray2ind\n');
14    fprintf('maxClase: el maximo de la clase de esa secuencia\n');
15    fprintf('minClase: el minimo de la clase de esa secuencia\n');
16    fprintf('tramaRelevante: la trama relevante dentro de esa
17        secuencia\n');
18    fprintf('contraste: datos referentes a las tramas con contraste
19        mejorado:\n');
20    fprintf('\tintervalos: los intervalos de niveles de contraste que se
21        quieran dar\n');
22    fprintf('\tmaximos: los niveles maximos de intensidad que se
23        pretende que tengan las imagenes para cada intervalo\n');
24    fprintf('\ttramas: todas las tramas de tramasIndexadas, con
25        contraste mejorado\n');
26    fprintf('\t\tintervalos: string con los intervalos dados a una
27        secuencia\n');
28    fprintf('\t\tmaximos: string con los maximos dados a una
29        secuencia\n');
30    fprintf('estadistica: datos referentes a parametros estadisticos que
31        se han sacado de esa secuencia:\n');
32    fprintf('\tzonaX: datos referentes a la posicion de la zonaX de esa
33        secuencia:\n');
34    fprintf('\t\ttposicion: vector con las posiciones de los puntos
35        extremos del rectangulo estudiado, ordenado segun:\n');
36    fprintf('\t\t\tcolumna de inicio, columna final, fila de inicio,
37        fila final\n');
38    fprintf('\t\t\tcolumnas: vector que comienza en columna de inicio y
39        acaba en columna final\n');
40    fprintf('\t\t\tfilas: vector que comienza en fila de inicio y acaba en
41        fila final\n');
42    fprintf('\t\ttramas: datos de estadistica referentes a las tramas\n');
43    fprintf('\t\t\ttescogidas: vector que contiene los indices de las
44        tramas originales que se tienen en cuenta\n');
45    fprintf('\t\t\tzonaX: datos estadisticos referentes a la zonaX en
46        concreto\n');
```


A.2 Documentación del programa

```
28 fprintf('\t\t\tsubimagen: trozos de las imagenes donde se calculan
    los parametros estadisticos\n');
29 fprintf('\t\t\tmedia: la media de todos los pixels de las diferentes
    subimagenes\n');
30 fprintf('\t\t\tvarianza: la varianza de todos los pixels de las
    diferentes subimagenes\n');
31
32 fprintf('\n\nCuando haya acabado de leer esta documentacion pulse
    Enter\n\n\n\n');
33 end
```

A.3 Programa para cargar las imágenes e informaciones importantes

Este es el programa que se usa para cargar las imágenes del disco duro, además de varias informaciones útiles, como por ejemplo indexar las imágenes con una escala de colores grises, o leer cuántas imágenes hay.

Código A.3. *Script* que carga informacion del disco duro

```
1 % Se pone a punto MATLAB
2   close all
3   clear all
4   home
5
6 % Se leen los archivos DICOM (en la misma carpeta)
7   im.mes2.originales = dicomread('.\mes_2_SER00001_sec158_178.dcm');
8   im.mes6.originales = dicomread('.\mes_6_SER00003_sec140_160.dcm');
9   im.mes10.originales = dicomread('.\mes_10_SER00003_sec160_180.dcm');
10
11 % Se leen los nombres de los meses cargados
12   im.fieldNames = fieldnames(im);
13
14 % Se recorren todos los meses cargados
15   for i = 1:numel(im.fieldNames);
16       % Se lee el nombre que se ha dado a cada mes
17       im.(im.fieldNames{i}).nombre = im.fieldNames{i};
18
19       % Se mira cual es el numero de imagenes en ese mes
20       im.(im.fieldNames{i}).numero =
           size(im.(im.fieldNames{i}).originales, 4);
21
22       % Se indexan las imagenes con gray2ind
23       [im.(im.fieldNames{i}).tramasIndexadas,
           im.(im.fieldNames{i}).mapaColor] =
           gray2ind(im.(im.fieldNames{i}).originales,
               double(intmax(class(im.(im.fieldNames{i}).originales))));
24
25       % Se buscan el maximo y el minimo de la clase de esa secuencia
26       im.(im.fieldNames{i}).maxClase =
           double(intmax(class(im.(im.fieldNames{i}).tramasIndexadas)));
27       im.(im.fieldNames{i}).minClase =
           double(intmin(class(im.(im.fieldNames{i}).tramasIndexadas)));
28
29       % Intervalos de Hounsfield y maximos (para contraste)
30       im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalosHounsfield = [-120 240
           300];
31       im.(im.fieldNames{i}).contraste.maximos = [100 50000 65435];
32       im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalos =
           [(im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalosHounsfield(1)+1024)
               * (2^16)/(2^12)
           (im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalosHounsfield(2)+1024)
               * (2^16)/(2^12)]
```

A.3 Programa para cargar las imágenes e informaciones importantes

```
(im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalosHounsfield(3)+1024)
* (2^16)/(2^12)];

33
34 % Informaciones para poder realizar los calculos
35 if (strcmp(im.fieldNames{i}, 'mes2'))
36     % Imagen relevante de la secuencia
37     im.(im.fieldNames{i}).tramaRelevante = 6;
38
39     % Niveles de contraste alternativos
40     % im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalos = [15000 18000
41         35000 40000];
42     % im.(im.fieldNames{i}).contraste.maximos = [100 40000 55000
43         65435];
44
45 % Posiciones de las zonas sanas
46 % columnaInicio columnaFinal filaInicio filaFinal
47 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaTumor.posicion = [219
48     219+34 157 157+34];
49 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana1.posicion = [163
50     163+34 147 147+34];
51 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana2.posicion = [136
52     136+34 171 171+34];
53 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana3.posicion = [112
54     112+34 219 219+34];
55 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana4.posicion = [144
56     144+34 248 248+34];
57 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana5.posicion = [264
58     264+34 177 177+34];
59 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana6.posicion = [243
60     243+34 129 129+34];
61
62 % Nombres de los campos en estadistica
63 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames =
64     fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).estadistica);
65
66 % Imagenes escogidas alrededor de la relevante
67 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas = 4:15;
68
69 % Las siguientes tienen la misma estructura que la anterior, no se
70 % comentan para ahorrar espacio
71 elseif (strcmp(im.fieldNames{i}, 'mes6'))
72     im.(im.fieldNames{i}).tramaRelevante = 8;
73     % im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalos = [15000 18000
74         20000];
75     % im.(im.fieldNames{i}).contraste.maximos = [100 50000 65435];
76 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaTumor.posicion = [240
77     240+34 129 129+34];
78 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana1.posicion = [183
79     183+34 115 115+34];
80 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana2.posicion = [149
81     149+34 140 140+34];
82 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana3.posicion = [192
83     192+34 170 170+34];
84 im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana4.posicion = [119
85     119+34 187 187+34];
```

Códigos MATLAB

```
70         im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana5.posicion = [288
71             288+34 140 140+34];
72         im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana6.posicion = [271
73             271+34 102 102+34];
74         im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames =
75             fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).estadistica);
76         im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas = 6:17;
77         elseif (strcmp(im.fieldNames{i}, 'mes10'))
78             im.(im.fieldNames{i}).tramaRelevante = 10;
79             % im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalos = [15000 20000];
80             % im.(im.fieldNames{i}).contraste.maximos = [100 65435];
81             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaTumor.posicion = [245
82                 245+34 142 142+34];
83             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana1.posicion = [194
84                 194+34 131 131+34];
85             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana2.posicion = [157
86                 157+34 148 148+34];
87             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana3.posicion = [138
88                 138+34 190 190+34];
89             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana4.posicion = [152
90                 152+34 233 233+34];
91             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana5.posicion = [280
92                 280+34 120 120+34];
93             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.zonaSana6.posicion = [212
94                 212+34 187 187+34];
95             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames =
96                 fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).estadistica);
97             im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas = 3:14;
98         end
99     end
```

A.4 *Script* usado para la mejora de contraste

El siguiente *script* ejecuta la función del Código A.5 y muestra todas las figuras relacionadas con la mejora de contraste.

Código A.4. *Script* usado para mejora de contraste

```

1 % Se aplican los niveles de contraste a todas las tramas de todos los
    meses
2 for i = 1:numel(im.fieldNames);
3     for j = 1:(im.(im.fieldNames{i}).numero);
4         im.(im.fieldNames{i}).contraste.tramas(:, :, :, j) =
            contrasteMarko(im.(im.fieldNames{i}).tramasIndexadas(:, :,
                :, j), im.(im.fieldNames{i}).contraste.intervalos,
                im.(im.fieldNames{i}).contraste.maximos);
5     end
6 end
7
8 % Se generan las figuras relacionadas con contraste
9 % Origen del problema
10 figuras.f1.handle = figure('Units', 'normalized', ...
11     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
12     'Name', 'Origen del problema');
13
14 imshow(im.mes2.contraste.tramas(:, :, :, im.mes2.tramaRelevante));
15 title('Origen del problema, imagen sin ningun tratamiento
    especial');
16
17 % Comparacion entre los metodos de contraste
18 figuras.f2.handle = figure('Units', 'normalized', ...
19     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
20     'Name', 'Comparacion entre los metodos de contraste');
21
22 subplot(1, 2, 1);
23 imshow(contrasteMariona(im.mes10.tramasIndexadas(:, :, :,
    im.mes10.tramaRelevante), 43000, 58000, 20000, 45000));
24 title('Contraste con el metodo en el trabajo anterior');
25
26 subplot(1, 2, 2);
27 imshow(im.mes10.contraste.tramas(:, :, :,
    im.mes10.tramaRelevante));
28 title('Contraste con el metodo en este trabajo');
29
30 % Comparacion entre imagenes originales e imagenes contrastadas
31 figuras.f3.handle = figure('Units', 'normalized', ...
32     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
33     'Name', 'Comparacion entre imagenes originales e imagenes
    contrastadas');
34
35 subplot(2, 3, 1);
36 imshow(im.mes2.originales(:, :, :, im.mes2.tramaRelevante));
37 title('Imagen original del mes 2');
38
39 subplot(2, 3, 2);
40 imshow(im.mes6.originales(:, :, :, im.mes6.tramaRelevante));

```

```
41     title('Imagen original del mes 6');
42
43     subplot(2, 3, 3);
44     imshow(im.mes10.originales(:, :, :, im.mes10.tramaRelevante));
45     title('Imagen original del mes 10');
46
47     subplot(2, 3, 4);
48     imshow(im.mes2.contraste.tramas(:, :, :, im.mes2.tramaRelevante));
49     title('Imagen con contraste mejorado del mes 2');
50
51     subplot(2, 3, 5);
52     imshow(im.mes6.contraste.tramas(:, :, :, im.mes6.tramaRelevante));
53     title('Imagen con contraste mejorado del mes 6');
54
55     subplot(2, 3, 6);
56     imshow(im.mes10.contraste.tramas(:, :, :,
57         im.mes10.tramaRelevante));
57     title('Imagen con contraste mejorado del mes 10');
```

A.5 Función de mejora de contraste

La siguiente función realiza la operación de mejora de contraste a una imagen dada. Esta es la función que se usa a lo largo del programa del anexo A.4 (*Script* usado para la mejora de contraste).

Código A.5. Función que mejora el contraste propuesta en este trabajo

```

1 % Esta funcion mejora el contraste de la imagen de entrada entrada ,
2 % tomando los intervalos de entrada y dandoles los maximos definidos
3
4 function salida = contrasteMarko(entrada , intervalos , maximos)
5
6 % Se comprueba que se han recibido el numero de argumentos correcto
7 if (nargin < 3)
8     error('contrasteMarko:argInsuf', ...
9         'Falta algun argumento de entrada');
10 elseif (nargin > 3)
11     error('contrasteMarko:argDemas', ...
12         'Sobra algun argumento de entrada');
13 end
14
15 % Se comprueba que el numero de intervalos y el numero de maximos se
16 % corresponden
17 if (numel(intervalos) ~= numel(maximos))
18     error('contrasteMarko:numeroArgumentos', ...
19         'Tus niveles no tienen el mismo numero de elementos');
20 end
21
22 % Se lee el maximo y minimo de la clase de la imagen de entrada
23 maxClase = double(intmax(class(entrada)));
24 minClase = double(intmin(class(entrada)));
25
26 % Se comprueba que los intervalos esten dentro de los limites
27 % permitidos
28 if (max(intervalos(:)) > maxClase)
29     error('contrasteMarko:intervalosEncima', ...
30         'Tus intervalos se pasan por encima');
31 elseif (min(intervalos(:)) < minClase)
32     error('contrasteMarko:intervalosDebajo', ...
33         'Tus intervalos se pasan por debajo');
34 end
35
36 % Se comprueba que los maximos esten dentro de los limites
37 % permitidos
38 if (max(maximos(:)) > maxClase)
39     error('contrasteMarko:maximosEncima', ...
40         'Tus maximos se pasan por encima');
41 elseif (min(maximos(:)) < minClase)
42     error('contrasteMarko:maximosDebajo', ...
43         'Tus maximos se pasan por debajo');
44 end
45
46 % Por si acaso los datos no entraran en orden ascendente , se ordenan

```

```

47     if (issorted(intervalos) == 0)
48         intervalos = sort(intervalos);
49     end
50
51     if (issorted(maximos) == 0)
52         maximos = sort(maximos);
53     end
54
55     % Se anaden los intervalos y maximos extremos minClase y maxClase si
56     % no estuvieran presentes (el 0 y el 65535 para uint16)
57     if (intervalos(1) ~= minClase)
58         intervalos = desplazaADerecha(intervalos);
59         maximos = desplazaADerecha(maximos);
60         intervalos(1) = minClase;
61         maximos(1) = minClase;
62     end
63
64     if (intervalos(end) ~= maxClase)
65         intervalos(end + 1) = maxClase;
66         maximos(end + 1) = maxClase;
67     end
68
69     % Se crea un sustrato de valores maximos para la imagen de salida
70     salida = ones(size(entrada)) * maxClase;
71
72     % Se recorren los intervalos y maximos uno a uno modificando el
73     % contraste en la imagen
74     for i = 1:(numel(intervalos)-1)
75         intervaloBajo = intervalos(i);
76         intervaloAlto = intervalos(i+1);
77         maximosBajo = maximos(i);
78         maximosAlto = maximos(i+1);
79         if (intervaloAlto < maxClase)
80             indices = find(intervaloBajo <= entrada & entrada <
81                             intervaloAlto);
82             else
83                 indices = find(intervaloBajo <= entrada & entrada <=
84                             intervaloAlto);
85             end
86             aux = escalaValoresImagen(entrada, indices, intervaloBajo,
87                                     intervaloAlto, maximosBajo, maximosAlto);
88             salida(indices) = aux(indices);
89         end
90
91     % Se extiende el rango de los valores de la imagen al maximo
92     % disponible para esa clase, para una visualizacion correcta
93     if (strcmp(class(entrada), 'uint16'))
94         salida = uint16(maxClase * (salida - min(salida(:))) /
95                         (max(salida(:)) - min(salida(:))));
96     elseif (strcmp(class(entrada), 'uint8'))
97         salida = uint8(maxClase * (salida - min(salida(:))) /
98                        (max(salida(:)) - min(salida(:))));
99     end
100 end

```


A.5 Función de mejora de contraste

```
97 % Esta funcion aplica la ecuacion descrita anteriormente
98 function salida = escalaValoresImagen(entrada, indexes, min_o, max_o,
    min_d, max_d)
99 % Se crea un sustrato de ceros para la imagen de salida
100     salida = zeros(size(entrada));
101
102 % Se escalan los valores segun les toque
103     salida(indexes) = (entrada(indexes) - min_o) * ((max_d - min_d) /
        (max_o - min_o)) + min_d;
104 end
105
106 % Esta funcion desplaza los valores de un vector una posicion a
107 % la derecha
108 function output = desplazaADerecha(input)
109 % Se recorre el vector de entrada y se copian los valores
110 % desplazados a la derecha una posicion en el vector de salida
111     for i = 1:numel(input)
112         output(i + 1) = input(i);
113     end
114 end
```

A.6 *Script* usado para detección de bordes

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con la detección de bordes.

Código A.6. *Script* usado para detección de bordes

```
1 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, en
2 % una zona concreta
3 I1 = im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
4
5 % Se buscan los bordes en la imagen anterior tanto con el operador de
6 % Sobel como con el algoritmo de Canny
7 BW1I1 = edge(I1, 'sobel', 'both');
8 BW2I1 = edge(I1, 'canny', 'both');
9
10 % Se representan los resultados
11 figuras.f4.handle = figure('Units', 'normalized', ...
12     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
13     'Name', 'Deteccion de bordes en la imagen conflictiva del mes
14         2');
15 subplot(2, 4, [2 3]);
16 imshow(I1);
17 title('Imagen con contraste mejorado');
18
19 subplot(2, 4, [5 6]);
20 imshow(BW1I1);
21 title('La imagen tras aplicar el operador de Sobel');
22
23 subplot(2, 4, [7 8]);
24 imshow(BW2I1);
25 title('La imagen tras aplicar el algoritmo de Canny');
26
27 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, en
28 % una zona concreta, esta vez mas pequena
29 I2 = im.mes2.contraste.tramas(155:200, 210:265, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
30
31 % Se buscan los bordes en la imagen anterior tanto con el operador de
32 % Sobel como con el algoritmo de Canny
33 BW1I2 = edge(I2, 'sobel', 'both');
34 BW2I2 = edge(I2, 'canny', 'both');
35
36 % Se representan los resultados
37 figuras.f5.handle = figure('Units', 'normalized', ...
38     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
39     'Name', 'Deteccion de bordes en la imagen conflictiva del mes
40         2, en una zona mas cercana al artefacto');
41 subplot(2, 4, [2 3]);
42 imshow(I2);
43 title('Imagen con contraste mejorado');
44
```

A.6 *Script* usado para detección de bordes

```
45  subplot(2, 4, [5 6]);
46  imshow(BW1I2);
47  title('La imagen tras aplicar el operador de Sobel');
48
49  subplot(2, 4, [7 8]);
50  imshow(BW2I2);
51  title('La imagen tras aplicar el algoritmo de Canny');
```

A.7 *Script* usado para el filtro de WIENER

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con el filtro de WIENER.

Código A.7. *Script* usado para el filtro de WIENER

```
1 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, en
2 % una zona concreta
3 I1 = im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
4
5 % Se filtra la imagen cargada de la estructura con el filtro de Wiener
6 I11 = wiener2(I1, [3 3]);
7
8 % Se buscan los bordes en la imagen anterior tanto con el operador de
9 % Sobel como con el algoritmo de Canny
10 BW1I11 = edge(I11, 'sobel', 'both');
11 BW2I11 = edge(I11, 'canny', 'both');
12
13 % Se representan los resultados
14 figuras.f6.handle = figure('Units', 'normalized', ...
15     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
16     'Name', 'Deteccion de bordes en la imagen conflictiva del mes
    2, tras filtrar con el filtro de Wiener');
17
18 subplot(2, 2, 1);
19 imshow(I1);
20 title('Imagen del mes 2');
21
22 subplot(2, 2, 2);
23 imshow(I11);
24 title('Imagen tras filtrar con wiener2');
25
26 subplot(2, 2, 3);
27 imshow(BW1I11);
28 title('Sobel a la imagen filtrada con wiener2');
29
30 subplot(2, 2, 4);
31 imshow(BW2I11);
32 title('Canny a la imagen filtrada con wiener2');
33
34 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, en
35 % una zona concreta, esta vez mas pequena
36 I2 = im.mes2.contraste.tramas(155:200, 210:265, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
37
38 % Se filtra la imagen cargada de la estructura con el filtro de Wiener
39 I21 = wiener2(I2, [3 3]);
40
41 % Se buscan los bordes en la imagen anterior tanto con el operador de
42 % Sobel como con el algoritmo de Canny
43 BW1I21 = edge(I21, 'sobel', 'both');
44 BW2I21 = edge(I21, 'canny', 'both');
45
```

A.7 *Script* usado para el filtro de WIENER

```
46 % Se representan los resultados
47 figuras.f7.handle = figure('Units', 'normalized', ...
48     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
49     'Name', 'Deteccion de bordes en la imagen conflictiva del mes
        2, centrada alrededor del artefacto, tras filtrar con el
        filtro de Wiener');
50
51 subplot(2, 2, 1);
52 imshow(I2);
53 title('Imagen del mes 2');
54
55 subplot(2, 2, 2);
56 imshow(I21);
57 title('Imagen tras filtrar con wiener2');
58
59 subplot(2, 2, 3);
60 imshow(BW1I21);
61 title('Sobel tras wiener2');
62
63 subplot(2, 2, 4);
64 imshow(BW2I21);
65 title('Canny tras wiener2');
```

A.8 *Script* usado para *derivación* de una trama respecto a las tramas vecinas

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con las diferencias entre imágenes.

Código A.8. *Script* usado para la *derivación*

```
1 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, la
2 % imagen anterior y la imagen siguiente, en una zona concreta
3 I1 = im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
4 I1anterior = im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante - 1);
5 I1siguiente = im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante + 1);
6
7 % Se calculan las diferencias en valor absoluto entre las imagenes
8 R1anterior = imabsdiff(I1, I1anterior);
9 R1siguiente = imabsdiff(I1, I1siguiente);
10
11 % Se extiende el rango de las imagenes al maximo para una correcta
12 % visualizacion
13 R1anteriorExtendida = uint16(R1anterior .*
    (double(intmax(class(I1)))/(max(R1anterior(:)))));
14 R1siguienteExtendida = uint16(R1siguiente .*
    (double(intmax(class(I1)))/(max(R1siguiente(:)))));
15
16 % Se representan los resultados
17 figuras.f8.handle = figure('Units', 'normalized', ...
18     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
19     'Name', 'Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y
    la imagen anterior a esta');
20
21 subplot(2, 4, [1 2]);
22 imshow(I1);
23 title('Imagen relevante del mes 2');
24
25 subplot(2, 4, [3 4]);
26 imshow(I1anterior);
27 title('Imagen anterior a la relevante del mes 2');
28
29 subplot(2, 4, [6 7]);
30 imshow(R1anteriorExtendida);
31 title('Diferencias absolutas entre las dos imagenes anteriores');
32
33 figuras.f9.handle = figure('Units', 'normalized', ...
34     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
35     'Name', 'Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2 y
    la imagen siguiente a esta');
36
37 subplot(2, 4, [1 2]);
38 imshow(I1);
39 title('Imagen relevante del mes 2');
```

A.8 *Script* usado para *derivación* de una trama respecto a las tramas vecinas

```
40
41 subplot(2, 4, [3 4]);
42 imshow(I1siguiente);
43 title('Imagen siguiente a la relevante del mes 2');
44
45 subplot(2, 4, [6 7]);
46 imshow(R1siguienteExtendida);
47 title('Diferencias absolutas entre las dos imagenes anteriores');
48
49 % Se toma de la estructura de datos la imagen relevante del mes2, la
50 % imagen anterior y la imagen siguiente, en una zona concreta, esta
51 % vez mas pequena
52 I2 = im.mes2.contraste.tramas(155:200, 210:265, 1,
    im.mes2.tramaRelevante);
53 I2anterior = im.mes2.contraste.tramas(155:200, 210:265, 1,
    im.mes2.tramaRelevante - 1);
54 I2siguiente = im.mes2.contraste.tramas(155:200, 210:265, 1,
    im.mes2.tramaRelevante + 1);
55
56 % Se calculan las diferencias en valor absoluto entre las imagenes
57 R2anterior = imabsdiff(I2, I2anterior);
58 R2siguiente = imabsdiff(I2, I2siguiente);
59
60 % Se extiende el rango de las imagenes al maximo para una correcta
61 % visualizacion
62 R2anteriorExtendida = uint16(R2anterior .*
    (double(intmax(class(I2)))/(max(R2anterior(:)))));
63 R2siguienteExtendida = uint16(R2siguiente .*
    (double(intmax(class(I2)))/(max(R2siguiente(:)))));
64
65 % Se representan los resultados
66 figuras.f10.handle = figure('Units', 'normalized', ...
67     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
68     'Name', 'Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2,
        centrada en la zona del artefacto, y la imagen anterior a
        esta');
69
70 subplot(2, 4, [1 2]);
71 imshow(I2);
72 title('Imagen relevante del mes 2, centrada en la zona del
    artefacto');
73
74 subplot(2, 4, [3 4]);
75 imshow(I2anterior);
76 title('Imagen anterior a la relevante del mes 2, centrada en la zona
    del artefacto');
77
78 subplot(2, 4, [6 7]);
79 imshow(R2anteriorExtendida);
80 title('Diferencias absolutas entre las dos imagenes anteriores');
81
82 figuras.f11.handle = figure('Units', 'normalized', ...
83     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
```

```
84         'Name', 'Diferencias entre la imagen conflictiva del mes 2,  
            centrada en la zona del artefacto, y la imagen siguiente a  
            esta');  
85  
86     subplot(2, 4, [1 2]);  
87     imshow(I2);  
88     title('Imagen relevante del mes 2, centrada en la zona del  
            artefacto');  
89  
90     subplot(2, 4, [3 4]);  
91     imshow(I2siguiente);  
92     title('Imagen siguiente a la relevante del mes 2, centrada en la  
            zona del artefacto');  
93  
94     subplot(2, 4, [6 7]);  
95     imshow(R2siguienteExtendida);  
96     title('Diferencias absolutas entre las dos imagenes anteriores');
```


A.9 *Script* usado para la extracción de parámetros estadísticos

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con la extracción de parámetros estadísticos.

Código A.9. *Script* usado para los parámetros estadísticos

```

1 % Se recorren todos los meses y se calculan la media y la desviacion
2 % estandar de cada zona
3   for i = 1:numel(im.fieldNames)
4       for j = 1:numel(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames);
5           im.(im.fieldNames{i}).estadistica.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{j}).col
6               =
7               im.(im.fieldNames{i}).estadistica.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{j}).fil
8               =
9               im.(im.fieldNames{i}).estadistica.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{j}).fil
10              for k = im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas;
11                  im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldName
12                      :, 1, k -
13                      min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
14                      + 1) =
15                      im.(im.fieldNames{i}).contraste.tramas(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.(im.(im.
16                      im.(im.fieldNames{i}).estadistica.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{j}
17                      1, k -
18                      min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
19                      + 1);
20              im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldName
21                  -
22                  min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
23                  + 1) =
24                  mean2(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica
25                  :, 1, k -
26                  min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
27                  + 1));
28          im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldName
29              -
30              min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
31              + 1) =
32              std2(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica
33              :, 1, k -
34              min(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(:))
35              + 1));
36      end
37  end
38 end
39
40 % Se generan las figuras relacionadas con estadistica
41 figuras.f12.handle = figure('Units', 'normalized', ...
42     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
43     'Name', 'Media y desviacion estandar de la zona con tumor de
44         la trama relevante de cada secuencia');
45

```

```

20     figuras.f12.espacios.primer0 = 0.2;
21     figuras.f12.espacios.anchuraBarra = 0.25;
22     figuras.f12.espacios.entreMediaYVarianza = 0.05;
23     figuras.f12.espacios.entreMeses = 0.15;
24     figuras.f12.espacios.mes1(1) = figuras.f12.espacios.primer0;
25     figuras.f12.espacios.mes1(2) = figuras.f12.espacios.mes1(1) +
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f12.espacios.entreMediaYVarianza;
26     figuras.f12.espacios.mes2(1) = figuras.f12.espacios.mes1(2) +
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f12.espacios.entreMeses;
27     figuras.f12.espacios.mes2(2) = figuras.f12.espacios.mes2(1) +
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f12.espacios.entreMediaYVarianza;
28     figuras.f12.espacios.mes3(1) = figuras.f12.espacios.mes2(2) +
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f12.espacios.entreMeses;
29     figuras.f12.espacios.mes3(2) = figuras.f12.espacios.mes3(1) +
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f12.espacios.entreMediaYVarianza;
30     figuras.f12.espacios.medias = [figuras.f12.espacios.mes1(1)
        figuras.f12.espacios.mes2(1) figuras.f12.espacios.mes3(1)];
31     figuras.f12.espacios.desviaciones = [figuras.f12.espacios.mes1(2)
        figuras.f12.espacios.mes2(2) figuras.f12.espacios.mes3(2)];
32
33     subplot(3, 3, [1 3]);
34     plotyy(figuras.f12.espacios.medias,
        [im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes6.tramaRelevante
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)],
        figuras.f12.espacios.desviaciones,
        [im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes6.tramaRelevante
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)], @bar);
35     figuras.hijos.f12 = get(figuras.f12.handle, 'Children');
36     figuras.hijos.f121 = get(figuras.hijos.f12(1), 'Children');
37     figuras.hijos.f122 = get(figuras.hijos.f12(2), 'Children');
38     set(figuras.hijos.f121, 'BarWidth',
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra);
39     set(figuras.hijos.f122, 'BarWidth',
        figuras.f12.espacios.anchuraBarra);
40     set(figuras.hijos.f12(1), 'XLim', [0 figuras.f12.espacios.mes3(2)
        + figuras.f12.espacios.primer0]);
41     set(figuras.hijos.f12(2), 'XLim', [0 figuras.f12.espacios.mes3(2)
        + figuras.f12.espacios.primer0]);
42     set(figuras.hijos.f12(1), 'XTick',
        [mean(figuras.f12.espacios.mes1(:))
        mean(figuras.f12.espacios.mes2(:))
        mean(figuras.f12.espacios.mes3(:))]);

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
43 set(figuras.hijos.f12(1), 'XTickLabel', {'mes2', 'mes6', 'mes10'});
44 set(figuras.hijos.f12(2), 'XTick',
    [mean(figuras.f12.espacios.mes1(:))
     mean(figuras.f12.espacios.mes2(:))
     mean(figuras.f12.espacios.mes3(:))]);
45 set(figuras.hijos.f12(2), 'XTickLabel', {'mes2', 'mes6', 'mes10'});
46
47 figuras.f121.YLabel = get(figuras.hijos.f12(1), 'YLabel');
48 figuras.f122.YLabel = get(figuras.hijos.f12(2), 'YLabel');
49 legend('Medias', 'Desviaciones tipicas');
50
51 if (figuras.hijos.f12(1) > figuras.hijos.f12(2))
52     set(figuras.hijos.f121, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
53     set(figuras.hijos.f121, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
54     set(figuras.hijos.f122, 'DisplayName', 'Medias');
55     set(figuras.hijos.f122, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
56     set(figuras.f121.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
57     set(figuras.f122.YLabel, 'String', 'Medias');
58 else
59     set(figuras.hijos.f121, 'DisplayName', 'Medias');
60     set(figuras.hijos.f121, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
61     set(figuras.hijos.f122, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
62     set(figuras.hijos.f122, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
63     set(figuras.f121.YLabel, 'String', 'Medias');
64     set(figuras.f122.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
65 end
66
67 subplot(3, 3, [4 7]);
68 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
69 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1) -
    100, im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle', '-.',
    'EdgeColor', 'r');
70
71 subplot(3, 3, [5 8]);
72 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
73 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1) -
    105, im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
    im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle', '-.',
    'EdgeColor', 'r');
74
75 subplot(3, 3, [6 9]);
76 imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
    im.mes10.tramaRelevante), []);
77 rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1) -
    120, im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 115,
    im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
```

```

    im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
    im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
    im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');

78
79 % medias y desviaciones de zonas sanas mes2
80 figuras.f13.handle = figure('Units', 'normalized', ...
81     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
82     'Name', 'Media y desviacion estandar de zonas sanas
        comparadas con la zona con tumor de la trama relevante
        del mes2');
83 figuras.f13.espacios.primerio = 0.2;
84 figuras.f13.espacios.anchuraBarra = 0.25;
85 figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza = 0.05;
86 figuras.f13.espacios.entreMeses = 0.15;
87 figuras.f13.espacios.zona1(1) = figuras.f13.espacios.primerio;
88 figuras.f13.espacios.zona1(2) = figuras.f13.espacios.zona1(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
89 figuras.f13.espacios.zona2(1) = figuras.f13.espacios.zona1(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
90 figuras.f13.espacios.zona2(2) = figuras.f13.espacios.zona2(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
91 figuras.f13.espacios.zona3(1) = figuras.f13.espacios.zona2(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
92 figuras.f13.espacios.zona3(2) = figuras.f13.espacios.zona3(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
93 figuras.f13.espacios.zona4(1) = figuras.f13.espacios.zona3(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
94 figuras.f13.espacios.zona4(2) = figuras.f13.espacios.zona4(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
95 figuras.f13.espacios.zona5(1) = figuras.f13.espacios.zona4(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
96 figuras.f13.espacios.zona5(2) = figuras.f13.espacios.zona5(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
97 figuras.f13.espacios.zona6(1) = figuras.f13.espacios.zona5(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
98 figuras.f13.espacios.zona6(2) = figuras.f13.espacios.zona6(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;
99 figuras.f13.espacios.zona7(1) = figuras.f13.espacios.zona6(2) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMeses;
100 figuras.f13.espacios.zona7(2) = figuras.f13.espacios.zona7(1) +
    figuras.f13.espacios.anchuraBarra / 2 +
    figuras.f13.espacios.entreMediaYVarianza;

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
101     figuras.f13.espacios.medias = [figuras.f13.espacios.zona1(1)
        figuras.f13.espacios.zona2(1) figuras.f13.espacios.zona3(1)
        figuras.f13.espacios.zona4(1) figuras.f13.espacios.zona5(1)
        figuras.f13.espacios.zona6(1) figuras.f13.espacios.zona7(1)];
102     figuras.f13.espacios.desviaciones = [figuras.f13.espacios.zona1(2)
        figuras.f13.espacios.zona2(2) figuras.f13.espacios.zona3(2)
        figuras.f13.espacios.zona4(2) figuras.f13.espacios.zona5(2)
        figuras.f13.espacios.zona6(2) figuras.f13.espacios.zona7(2)];
103
104     subplot(4, 3, [1 2 3]);
105     plotyy(figuras.f13.espacios.medias,
        [im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana1.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana2.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana3.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana4.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana5.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana6.media(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)],
        figuras.f13.espacios.desviaciones,
        [im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana1.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana2.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana3.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana4.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana5.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaSana6.desviacion(im.mes2.tramaRelevante
        - im.mes2.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)], @bar);
106     figuras.hijos.f13 = get(figuras.f13.handle, 'Children');
107     figuras.hijos.f131 = get(figuras.hijos.f13(1), 'Children');
108     figuras.hijos.f132 = get(figuras.hijos.f13(2), 'Children');
109     set(figuras.hijos.f131, 'BarWidth',
        figuras.f13.espacios.anchuraBarra);
110     set(figuras.hijos.f132, 'BarWidth',
        figuras.f13.espacios.anchuraBarra);
111     set(figuras.hijos.f13(1), 'XLim', [0 figuras.f13.espacios.zona7(2)
        + figuras.f13.espacios.primer0]);
112     set(figuras.hijos.f13(2), 'XLim', [0 figuras.f13.espacios.zona7(2)
        + figuras.f13.espacios.primer0]);
113     set(figuras.hijos.f13(1), 'XTick',
        [mean(figuras.f13.espacios.zona1(:))
        mean(figuras.f13.espacios.zona2(:))
        mean(figuras.f13.espacios.zona3(:))
```

```

        mean(figuras.f13.espacios.zona4(:))
        mean(figuras.f13.espacios.zona5(:))
        mean(figuras.f13.espacios.zona6(:))
        mean(figuras.f13.espacios.zona7(:))]);
114 set(figuras.hijos.f13(1), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
    1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
    5', 'Zona sana 6'});
115 set(figuras.hijos.f13(2), 'XTick',
    [mean(figuras.f13.espacios.zona1(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona2(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona3(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona4(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona5(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona6(:))
    mean(figuras.f13.espacios.zona7(:))]);
116 set(figuras.hijos.f13(2), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
    1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
    5', 'Zona sana 6'});

117
118 figuras.f131.YLabel = get(figuras.hijos.f13(1), 'YLabel');
119 figuras.f132.YLabel = get(figuras.hijos.f13(2), 'YLabel');
120 legend('Medias', 'Desviaciones tipicas');
121
122 % quiere decir que figuras.hijos.f13(1) se a adio despues de
123 % figuras.hijos.f13(2), figuras.hijos.f13(1) por tanto son las
    desviaciones
124 if (figuras.hijos.f13(1) > figuras.hijos.f13(2))
125     set(figuras.hijos.f131, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
126     set(figuras.hijos.f131, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
127     set(figuras.hijos.f132, 'DisplayName', 'Medias');
128     set(figuras.hijos.f132, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
129     set(figuras.f131.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
130     set(figuras.f132.YLabel, 'String', 'Medias');
131 else
132     set(figuras.hijos.f131, 'DisplayName', 'Medias');
133     set(figuras.hijos.f131, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
134     set(figuras.hijos.f132, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
135     set(figuras.hijos.f132, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
136     set(figuras.f131.YLabel, 'String', 'Medias');
137     set(figuras.f132.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
138 end
139
140 subplot(4, 3, 4);
141 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
142 rectangle('Position', [im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana1.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
143 title('Zona sana 1');
144
145 subplot(4, 3, 5);

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
146 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
147 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana2.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
148 title('Zona sana 2');
149
150 subplot(4, 3, 6);
151 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
152 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana3.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
153 title('Zona sana 3');
154
155 subplot(4, 3, 7);
156 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
157 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana4.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
158 title('Zona sana 4');
159
160 subplot(4, 3, 8);
161 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
162 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(4) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana5.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
163 title('Zona sana 5');
164
165 subplot(4, 3, 9);
166 imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
    im.mes2.tramaRelevante), []);
167 rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(1)
    - 100, im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(3) - 120,
    im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(2) -
    im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(1),
    im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(4) -
```

```

        im.mes2.estadistica.zonaSana6.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
168     title('Zona sana 6');
169
170     subplot(4, 3, 11);
171     imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1,
        im.mes2.tramaRelevante), []);
172     rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
        - 100, im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 120,
        im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
        im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
        im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
        im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
173     title('Zona tumor');
174
175     % medias y desviaciones de zonas sanas mes6
176     figuras.fl4.handle = figure('Units', 'normalized', ...
177         'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
178         'Name', 'Media y desviacion estandar de zonas sanas
        comparadas con la zona con tumor de la trama relevante
        del mes6');
179     figuras.fl4.espacios.primerio = 0.2;
180     figuras.fl4.espacios.anchuraBarra = 0.25;
181     figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza = 0.05;
182     figuras.fl4.espacios.entreMeses = 0.15;
183     figuras.fl4.espacios.zona1(1) = figuras.fl4.espacios.primerio;
184     figuras.fl4.espacios.zona1(2) = figuras.fl4.espacios.zona1(1) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;
185     figuras.fl4.espacios.zona2(1) = figuras.fl4.espacios.zona1(2) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;
186     figuras.fl4.espacios.zona2(2) = figuras.fl4.espacios.zona2(1) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;
187     figuras.fl4.espacios.zona3(1) = figuras.fl4.espacios.zona2(2) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;
188     figuras.fl4.espacios.zona3(2) = figuras.fl4.espacios.zona3(1) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;
189     figuras.fl4.espacios.zona4(1) = figuras.fl4.espacios.zona3(2) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;
190     figuras.fl4.espacios.zona4(2) = figuras.fl4.espacios.zona4(1) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;
191     figuras.fl4.espacios.zona5(1) = figuras.fl4.espacios.zona4(2) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;
192     figuras.fl4.espacios.zona5(2) = figuras.fl4.espacios.zona5(1) +
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;

```


A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
193     figuras.fl4.espacios.zona6(1) = figuras.fl4.espacios.zona5(2) +  
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +  
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;  
194     figuras.fl4.espacios.zona6(2) = figuras.fl4.espacios.zona6(1) +  
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +  
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;  
195     figuras.fl4.espacios.zona7(1) = figuras.fl4.espacios.zona6(2) +  
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +  
        figuras.fl4.espacios.entreMeses;  
196     figuras.fl4.espacios.zona7(2) = figuras.fl4.espacios.zona7(1) +  
        figuras.fl4.espacios.anchuraBarra / 2 +  
        figuras.fl4.espacios.entreMediaYVarianza;  
197     figuras.fl4.espacios.medias = [figuras.fl4.espacios.zona1(1)  
        figuras.fl4.espacios.zona2(1) figuras.fl4.espacios.zona3(1)  
        figuras.fl4.espacios.zona4(1) figuras.fl4.espacios.zona5(1)  
        figuras.fl4.espacios.zona6(1) figuras.fl4.espacios.zona7(1)];  
198     figuras.fl4.espacios.desviaciones = [figuras.fl4.espacios.zona1(2)  
        figuras.fl4.espacios.zona2(2) figuras.fl4.espacios.zona3(2)  
        figuras.fl4.espacios.zona4(2) figuras.fl4.espacios.zona5(2)  
        figuras.fl4.espacios.zona6(2) figuras.fl4.espacios.zona7(2)];  
199  
200     subplot(4, 3, [1 2 3]);  
201     plotyy(figuras.fl4.espacios.medias,  
        [im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana1.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana2.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana3.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana4.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana5.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana6.media(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)],  
        figuras.fl4.espacios.desviaciones,  
        [im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana1.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana2.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana3.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana4.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana5.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)  
        im.mes6.estadistica.tramas.zonaSana6.desviacion(im.mes6.tramaRelevante  
        - im.mes6.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)], @bar);  
202     figuras.hijos.fl4 = get(figuras.fl4.handle, 'Children');  
203     figuras.hijos.fl41 = get(figuras.hijos.fl4(1), 'Children');  
204     figuras.hijos.fl42 = get(figuras.hijos.fl4(2), 'Children');
```

```

205     set(figuras.hijos.f141, 'BarWidth',
        figuras.f14.espacios.anchuraBarra);
206     set(figuras.hijos.f142, 'BarWidth',
        figuras.f14.espacios.anchuraBarra);
207     set(figuras.hijos.f14(1), 'XLim', [0 figuras.f14.espacios.zona7(2)
        + figuras.f14.espacios.primerero]);
208     set(figuras.hijos.f14(2), 'XLim', [0 figuras.f14.espacios.zona7(2)
        + figuras.f14.espacios.primerero]);
209     set(figuras.hijos.f14(1), 'XTick',
        [mean(figuras.f14.espacios.zona1(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona2(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona3(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona4(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona5(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona6(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona7(:))]);
210     set(figuras.hijos.f14(1), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
        1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
        5', 'Zona sana 6'});
211     set(figuras.hijos.f14(2), 'XTick',
        [mean(figuras.f14.espacios.zona1(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona2(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona3(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona4(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona5(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona6(:))
         mean(figuras.f14.espacios.zona7(:))]);
212     set(figuras.hijos.f14(2), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
        1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
        5', 'Zona sana 6'});

213
214     figuras.f141.YLabel = get(figuras.hijos.f14(1), 'YLabel');
215     figuras.f142.YLabel = get(figuras.hijos.f14(2), 'YLabel');
216     legend('Medias', 'Desviaciones tipicas');
217
218     % quiere decir que figuras.hijos.f14(1) se a adio despues de
219     % figuras.hijos.f14(2), figuras.hijos.f14(1) por tanto son las
        desviaciones
220     if (figuras.hijos.f14(1) > figuras.hijos.f14(2))
221         set(figuras.hijos.f141, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
222         set(figuras.hijos.f141, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
223         set(figuras.hijos.f142, 'DisplayName', 'Medias');
224         set(figuras.hijos.f142, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
225         set(figuras.f141.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
226         set(figuras.f142.YLabel, 'String', 'Medias');
227     else
228         set(figuras.hijos.f141, 'DisplayName', 'Medias');
229         set(figuras.hijos.f141, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
230         set(figuras.hijos.f142, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
231         set(figuras.hijos.f142, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
232         set(figuras.f141.YLabel, 'String', 'Medias');
233         set(figuras.f142.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
234     end
235
236     subplot(4, 3, 4);

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
237 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
238 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(1)
    - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(4) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana1.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
239 title('Zona sana 1');
240
241 subplot(4, 3, 5);
242 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
243 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(1)
    - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(4) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana2.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
244 title('Zona sana 2');
245
246 subplot(4, 3, 6);
247 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
248 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(1)
    - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(4) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana3.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
249 title('Zona sana 3');
250
251 subplot(4, 3, 7);
252 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
253 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(1)
    - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(4) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana4.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
254 title('Zona sana 4');
255
256 subplot(4, 3, 8);
257 imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
    im.mes6.tramaRelevante), []);
258 rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(1)
    - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(3) - 95,
    im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(2) -
    im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(1),
    im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(4) -
```

```

        im.mes6.estadistica.zonaSana5.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
259     title('Zona sana 5');
260
261     subplot(4, 3, 9);
262     imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
        im.mes6.tramaRelevante), []);
263     rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(1)
        - 105, im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(3) - 95,
        im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(2) -
        im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(1),
        im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(4) -
        im.mes6.estadistica.zonaSana6.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
264     title('Zona sana 6');
265
266     subplot(4, 3, 11);
267     imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1,
        im.mes6.tramaRelevante), []);
268     rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
        - 105, im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 95,
        im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
        im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
        im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
        im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
269     title('Zona tumor');
270
271     % medias y desviaciones de zonas sanas mes10
272     figuras.f15.handle = figure('Units', 'normalized', ...
273         'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
274         'Name', 'Media y desviacion estandar de zonas sanas
        comparadas con la zona con tumor de la trama relevante
        del mes10');
275     figuras.f15.espacios.primerio = 0.2;
276     figuras.f15.espacios.anchuraBarra = 0.25;
277     figuras.f15.espacios.entreMediaYVarianza = 0.05;
278     figuras.f15.espacios.entreMeses = 0.15;
279     figuras.f15.espacios.zonal(1) = figuras.f15.espacios.primerio;
280     figuras.f15.espacios.zonal(2) = figuras.f15.espacios.zonal(1) +
        figuras.f15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f15.espacios.entreMediaYVarianza;
281     figuras.f15.espacios.zona2(1) = figuras.f15.espacios.zonal(2) +
        figuras.f15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f15.espacios.entreMeses;
282     figuras.f15.espacios.zona2(2) = figuras.f15.espacios.zona2(1) +
        figuras.f15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f15.espacios.entreMediaYVarianza;
283     figuras.f15.espacios.zona3(1) = figuras.f15.espacios.zona2(2) +
        figuras.f15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f15.espacios.entreMeses;
284     figuras.f15.espacios.zona3(2) = figuras.f15.espacios.zona3(1) +
        figuras.f15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.f15.espacios.entreMediaYVarianza;

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```

285     figuras.fl15.espacios.zona4(1) = figuras.fl15.espacios.zona3(2) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMeses;
286     figuras.fl15.espacios.zona4(2) = figuras.fl15.espacios.zona4(1) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMediaYVarianza;
287     figuras.fl15.espacios.zona5(1) = figuras.fl15.espacios.zona4(2) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMeses;
288     figuras.fl15.espacios.zona5(2) = figuras.fl15.espacios.zona5(1) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMediaYVarianza;
289     figuras.fl15.espacios.zona6(1) = figuras.fl15.espacios.zona5(2) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMeses;
290     figuras.fl15.espacios.zona6(2) = figuras.fl15.espacios.zona6(1) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMediaYVarianza;
291     figuras.fl15.espacios.zona7(1) = figuras.fl15.espacios.zona6(2) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMeses;
292     figuras.fl15.espacios.zona7(2) = figuras.fl15.espacios.zona7(1) +
        figuras.fl15.espacios.anchuraBarra / 2 +
        figuras.fl15.espacios.entreMediaYVarianza;
293     figuras.fl15.espacios.medias = [ figuras.fl15.espacios.zona1(1)
        figuras.fl15.espacios.zona2(1) figuras.fl15.espacios.zona3(1)
        figuras.fl15.espacios.zona4(1) figuras.fl15.espacios.zona5(1)
        figuras.fl15.espacios.zona6(1) figuras.fl15.espacios.zona7(1) ];
294     figuras.fl15.espacios.desviaciones = [ figuras.fl15.espacios.zona1(2)
        figuras.fl15.espacios.zona2(2) figuras.fl15.espacios.zona3(2)
        figuras.fl15.espacios.zona4(2) figuras.fl15.espacios.zona5(2)
        figuras.fl15.espacios.zona6(2) figuras.fl15.espacios.zona7(2) ];
295
296     subplot(4, 3, [1 2 3]);
297     plotyy(figuras.fl15.espacios.medias,
        [im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana1.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana2.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana3.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana4.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana5.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana6.media(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1) ],
        figuras.fl15.espacios.desviaciones,
        [im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana1.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
        - im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
        im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana2.desviacion(im.mes10.tramaRelevante

```

```

- im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana3.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
- im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana4.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
- im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana5.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
- im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)
im.mes10.estadistica.tramas.zonaSana6.desviacion(im.mes10.tramaRelevante
- im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1)], @bar);
298 figuras.hijos.f15 = get(figuras.f15.handle, 'Children');
299 figuras.hijos.f151 = get(figuras.hijos.f15(1), 'Children');
300 figuras.hijos.f152 = get(figuras.hijos.f15(2), 'Children');
301 set(figuras.hijos.f151, 'BarWidth',
    figuras.f15.espacios.anchuraBarra);
302 set(figuras.hijos.f152, 'BarWidth',
    figuras.f15.espacios.anchuraBarra);
303 set(figuras.hijos.f15(1), 'XLim', [0 figuras.f15.espacios.zona7(2)
    + figuras.f15.espacios.primer]);
304 set(figuras.hijos.f15(2), 'XLim', [0 figuras.f15.espacios.zona7(2)
    + figuras.f15.espacios.primer]);
305 set(figuras.hijos.f15(1), 'XTick',
    [mean(figuras.f15.espacios.zona1(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona2(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona3(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona4(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona5(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona6(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona7(:))]);
306 set(figuras.hijos.f15(1), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
    1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
    5', 'Zona sana 6'});
307 set(figuras.hijos.f15(2), 'XTick',
    [mean(figuras.f15.espacios.zona1(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona2(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona3(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona4(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona5(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona6(:))
    mean(figuras.f15.espacios.zona7(:))]);
308 set(figuras.hijos.f15(2), 'XTickLabel', {'Zona tumor', 'Zona sana
    1', 'Zona sana 2', 'Zona sana 3', 'Zona sana 4', 'Zona sana
    5', 'Zona sana 6'});
309
310 figuras.f151.YLabel = get(figuras.hijos.f15(1), 'YLabel');
311 figuras.f152.YLabel = get(figuras.hijos.f15(2), 'YLabel');
312 legend('Medias', 'Desviaciones tipicas');
313
314 % quiere decir que figuras.hijos.f15(1) se a adio despues de
315 % figuras.hijos.f15(2), figuras.hijos.f15(1) por tanto son las
    desviaciones
316 if (figuras.hijos.f15(1) > figuras.hijos.f15(2))
317     set(figuras.hijos.f151, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
318     set(figuras.hijos.f151, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
319     set(figuras.hijos.f152, 'DisplayName', 'Medias');
320     set(figuras.hijos.f152, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);

```

A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
321     set(figuras.f151.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
322     set(figuras.f152.YLabel, 'String', 'Medias');
323 else
324     set(figuras.hijos.f151, 'DisplayName', 'Medias');
325     set(figuras.hijos.f151, 'FaceColor', [0.043 0.518 0.78]);
326     set(figuras.hijos.f152, 'DisplayName', 'Desviaciones tipicas');
327     set(figuras.hijos.f152, 'FaceColor', [1 0.694 0.392]);
328     set(figuras.f151.YLabel, 'String', 'Medias');
329     set(figuras.f152.YLabel, 'String', 'Desviaciones tipicas');
330 end
331
332 subplot(4, 3, 4);
333 imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
    im.mes10.tramaRelevante), []);
334 rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(1)
    - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(3) - 115,
    im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(2) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(1),
    im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(4) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana1.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
335 title('Zona sana 1');
336
337 subplot(4, 3, 5);
338 imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
    im.mes10.tramaRelevante), []);
339 rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(1)
    - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(3) - 115,
    im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(2) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(1),
    im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(4) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana2.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
340 title('Zona sana 2');
341
342 subplot(4, 3, 6);
343 imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
    im.mes10.tramaRelevante), []);
344 rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(1)
    - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(3) - 115,
    im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(2) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(1),
    im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(4) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana3.posicion(3)], 'LineStyle',
    '-.', 'EdgeColor', 'r');
345 title('Zona sana 3');
346
347 subplot(4, 3, 7);
348 imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
    im.mes10.tramaRelevante), []);
349 rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(1)
    - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(3) - 115,
    im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(2) -
    im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(1),
    im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(4) -
```

```

        im.mes10.estadistica.zonaSana4.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
350     title('Zona sana 4');
351
352     subplot(4, 3, 8);
353     imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
        im.mes10.tramaRelevante), []);
354     rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(1)
        - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(3) - 115,
        im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(2) -
        im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(1),
        im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(4) -
        im.mes10.estadistica.zonaSana5.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
355     title('Zona sana 5');
356
357     subplot(4, 3, 9);
358     imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
        im.mes10.tramaRelevante), []);
359     rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(1)
        - 120, im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(3) - 115,
        im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(2) -
        im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(1),
        im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(4) -
        im.mes10.estadistica.zonaSana6.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
360     title('Zona sana 6');
361
362     subplot(4, 3, 11);
363     imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1,
        im.mes10.tramaRelevante), []);
364     rectangle('Position',[im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
        - 120, im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 115,
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
365     title('Zona tumor');
366
367     % medias y desviaciones de zona de tumor con diferentes imagenes
368     % de la secuencia mes2
369     figuras.fl16.handle = figure('Units', 'normalized', ...
370         'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
371         'Name', 'Medias y desviaciones de la zona con tumor de la
        secuencia mes2, en diferentes tramas');
372
373     subplot(4, 4, [1 2]);
374     bar(im.mes2.estadistica.tramas.escogidas,
        im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.media, 'FaceColor',
        [0.043 0.518 0.78]);
375     title('Medias');
376
377     subplot(4, 4, [3 4]);

```


A.9 Script usado para la extracción de parámetros estadísticos

```
378     bar(im.mes2.estadistica.tramas.escogidas ,
          im.mes2.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion , 'FaceColor',
          [1 0.694 0.392]);
379     title('Desviaciones tipicas');
380
381     j = 5;
382     for i = im.mes2.estadistica.tramas.escogidas;
383         subplot(4, 4, j);
384         imshow(im.mes2.contraste.tramas(120:300, 100:320, 1, i), []);
385         rectangle('Position',[im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
                                - 100, im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 120,
                                im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
                                im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
                                im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
                                im.mes2.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
                                '-.', 'EdgeColor', 'r');
386     if (i == im.mes2.tramaRelevante)
387         title('Imagen relevante');
388     else
389         title(['Imagen ' num2str(i)]);
390     end
391     j = j + 1;
392 end
393
394 % medias y desviaciones de zona de tumor con diferentes imagenes
395 % de la secuencia mes6
396 figuras.f17.handle = figure('Units', 'normalized', ...
397     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
398     'Name', 'Medias y desviaciones de la zona con tumor de la
399     secuencia mes6, en diferentes tramas');
400
401 subplot(4, 4, [1 2]);
402 bar(im.mes6.estadistica.tramas.escogidas ,
      im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.media , 'FaceColor',
      [0.043 0.518 0.78]);
403
404 subplot(4, 4, [3 4]);
405 bar(im.mes6.estadistica.tramas.escogidas ,
      im.mes6.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion , 'FaceColor',
      [1 0.694 0.392]);
406     title('Desviaciones tipicas');
407
408     j = 5;
409     for i = im.mes6.estadistica.tramas.escogidas;
410         subplot(4, 4, j);
411         imshow(im.mes6.contraste.tramas(95:265, 105:345, 1, i), []);
412         rectangle('Position',[im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
                                - 105, im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 95,
                                im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
                                im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
                                im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
                                im.mes6.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
                                '-.', 'EdgeColor', 'r');
413     if (i == im.mes6.tramaRelevante)
```

```

414         title('Imagen relevante');
415     else
416         title(['Imagen ' num2str(i)]);
417     end
418     j = j + 1;
419 end
420
421 % medias y desviaciones de zona de tumor con diferentes imagenes
422 % de la secuencia mes10
423 figuras.fl8.handle = figure('Units', 'normalized', ...
424     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
425     'Name', 'Medias y desviaciones de la zona con tumor de la
        secuencia mes10, en diferentes tramas');
426
427 subplot(4, 4, [1 2]);
428 bar(im.mes10.estadistica.tramas.escogidas,
    im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.media, 'FaceColor',
    [0.043 0.518 0.78]);
429 title('Medias');
430
431 subplot(4, 4, [3 4]);
432 bar(im.mes10.estadistica.tramas.escogidas,
    im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.desviacion, 'FaceColor',
    [1 0.694 0.392]);
433 title('Desviaciones tipicas');
434
435 j = 5;
436 for i = im.mes10.estadistica.tramas.escogidas;
437     subplot(4, 4, j);
438     imshow(im.mes10.contraste.tramas(115:285, 120:330, 1, i), []);
439     rectangle('Position', [im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1)
        - 120, im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3) - 115,
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(2) -
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(1),
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(4) -
        im.mes10.estadistica.zonaTumor.posicion(3)], 'LineStyle',
        '-.', 'EdgeColor', 'r');
440     if (i == im.mes10.tramaRelevante)
441         title('Imagen relevante');
442     else
443         title(['Imagen ' num2str(i)]);
444     end
445     j = j + 1;
446 end

```

A.10 *Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, sin alterar las texturas

A.10 *Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, sin alterar las texturas

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con la correlación sin usar `surrogate2`.

Código A.10. *Script* usado para la correlación sin `surrogate2`

```
1 % Se genera toda la informacion respecto a correlaciones del trozo del
2 % tumor con las zonas sanas (sin alterar con surrogate2)
3 for i = 1:numel(im.fieldNames);
4     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate = [];
5     for j = im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas
6         for k = 1:numel(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames)
7             im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                        =
                        double(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica
                        :, :, j -
                        im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(1) +
                        1));
8             im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                        =
                        im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                        -
                        mean2(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k}));
9         end
10    end
11    im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]) .fieldNames =
                        fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(['imagen'
                        num2str(j)]));
12 end
13
14 im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.fieldNames =
                        fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate);
15 end
16
17
18 for i = 1:numel(im.fieldNames);
19     for j =
20         1:numel(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.fieldNames);
21         im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSin
                        =
                        im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSin
                        -
                        mean2(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSin
```

```

21     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
    =
        sum(sum(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.([ 'imagen '
        num2str(im.(im.fieldNames{i}).tramaRelevante)]).zonaTumor .*
        im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
22
23     for k =
        1:numel(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
24     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
    =
        sum(sum(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
        .*
        im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesSinSurrogate.
25     end
26     end
27 end
28
29 % Se representan los resultados
30 figuras.f19.handle = figure('Units', 'normalized', ...
31     'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
32     'Name', 'Resultados de correlar las zonas sanas con la zona
        tumor de las imagenes relevantes en las tres
        secuencias');
33
34 subplot(1, 3, 1);
35 bar(abs(im.mes2.correlacionesSinSurrogate.imagen6.resultados(2:end)),
    'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
36 ylim([0 1]);
37 ylabel('Resultados de la correlacion');
38 xlabel('Zonas sanas');
39 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 2');
40
41 subplot(1, 3, 2);
42 bar(abs(im.mes6.correlacionesSinSurrogate.imagen8.resultados(2:end)),
    'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
43 ylim([0 1]);
44 ylabel('Resultados de la correlacion');
45 xlabel('Zonas sanas');
46 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 6');
47
48 subplot(1, 3, 3);
49 bar(abs(im.mes10.correlacionesSinSurrogate.imagen10.resultados(2:end)),
    'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
50 ylim([0 1]);
51 ylabel('Resultados de la correlacion');
52 xlabel('Zonas sanas');
53 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 10');

```

A.11 *Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, alterando las texturas

El siguiente *script* ejecuta y muestra todas las figuras relacionadas con la correlación usando `surrogate2`.

Código A.11. *Script* usado para la correlación con `surrogate2`

```
1 % Se genera toda la informacion respecto a correlacionesConSurrogate
  del trozo del
2 % tumor con las zonas sanas (alterando con surrogate2)
3 for i = 1:numel(im.fieldNames);
4     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate = [];
5     for j = im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas
6         for k = 1:numel(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames)
7             im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
                num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                =
                double(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.
                :, :, j -
                im.(im.fieldNames{i}).estadistica.tramas.escogidas(1) +
                1));
8             im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
                num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                =
                im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
                num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k})
                -
                mean2(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
                num2str(j)]) .(im.(im.fieldNames{i}).estadistica.fieldNames{k}));
9         end
10    end
11    im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
        num2str(j)]) .fieldNames =
        fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
        num2str(j)]));
12 end
13
14 im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.fieldNames =
    fieldnames(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate);
15 end
16
17
18 for i = 1:numel(im.fieldNames);
19     for j =
        1:numel(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.fieldNames);
20         im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesCon
            =
            surrogate2(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).c
            10);
```

```

21     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
    =
    im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
    -
    mean2(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
22     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
    =
    sum(sum(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(['imagen'
    num2str(im.(im.fieldNames{i}).tramaRelevante)]).zonaTumor .*
    im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
23
24     for k =
        1:numel(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
25     im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
    =
    sum(sum(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
    .*
    im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.(im.(im.fieldNames{i}).correlacionesConSurrogate.
26     end
27     end
28     end
29
30     I = double(im.mes10.estadistica.tramas.zonaTumor.subimagen(:, :, :,
        im.mes10.tramaRelevante -
        im.mes10.estadistica.tramas.escogidas(1) + 1));
31     O = surrogate2(I, 10);
32
33     % Se representan los resultados
34     figuras.f20.handle = figure('Units', 'normalized', ...
35         'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
36         'Name', 'Imagen de la textura tumoral del mes 10 antes y
        despues de haberla modificado con surrogate2');
37     subplot(1, 2, 1);
38     imshow(I, []);
39     title('Textura original del tumor del mes 10');
40
41     subplot(1, 2, 2);
42     imshow(O, []);
43     title('Textura sustituida del tumor del mes 10');
44
45     mod_O = abs(fft2(double(O), 128, 128));
46     mod_I = abs(fft2(double(I), 128, 128));
47     [X1, Y1] = meshgrid(0:128-1, 0:128-1);
48
49     figuras.f21.handle = figure('Units', 'normalized', ...
50         'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
51         'Name', 'Espectros de la textura tumoral del mes 10 antes y
        despues de haberla modificado con surrogate2');
52     subplot(1,2,1);
53     mesh(X1, Y1, fftshift(mod_I)), shading interp, grid on, view(-30,
        25);
54     title('Espectro de la textura original');
55
56     subplot(1,2,2);

```

A.11 *Script* usado para correlaciones de la zona del tumor con otras zonas, alterando las texturas

```
57 mesh(X1, Y1, fftshift(mod_O)), shading interp, grid on, view(-30,
58      25);
59 title('Espectro de la textura sustituida');
60 figuras.f22.handle = figure('Units', 'normalized', ...
61      'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
62      'Name', 'Representaciones tridimensionales de la textura
        tumoral del mes 10 antes y despues de haberla modificado
        con surrogate2');
63 subplot(1,2,1);
64 mesh(I), shading interp, grid on, view(40, -75);
65 title('Representacion tridimensional de la textura original');
66
67 subplot(1,2,2);
68 mesh(O), shading interp, grid on, view(40, -75);
69 title('Representacion tridimensional de la textura sustituida');
70
71 figuras.f23.handle = figure('Units', 'normalized', ...
72      'Position', [0.01 0.05 0.98 0.85], ...
73      'Name', 'Resultados de correlar las zonas sanas con la zona
        tumor de las imagenes relevantes en las tres
        secuencias');
74
75 subplot(1, 3, 1);
76 bar(abs(im.mes2.correlacionesConSurrogate.imagen6.resultados(2:end)),
77      'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
78 ylim([0 1]);
79 ylabel('Resultados de la correlacion');
80 xlabel('Zonas sanas');
81 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 2');
82
83 subplot(1, 3, 2);
84 bar(abs(im.mes6.correlacionesConSurrogate.imagen8.resultados(2:end)),
85      'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
86 ylim([0 1]);
87 ylabel('Resultados de la correlacion');
88 xlabel('Zonas sanas');
89 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 6');
90
91 subplot(1, 3, 3);
92 bar(abs(im.mes10.correlacionesConSurrogate.imagen10.resultados(2:end)),
93      'FaceColor', [0 204/255 102/255]);
94 ylim([0 1]);
95 ylabel('Resultados de la correlacion');
96 xlabel('Zonas sanas');
97 title('Correlaciones entre zona tumoral y zonas sanas en el mes 10');
```

A.12 Algoritmo usado para generar una textura nueva con el mismo espectro de amplitud

El siguiente *script* es el descrito en la sección 2.1.7 (Correlación del trozo de tumor, tras haber sustituido su textura por otra equivalente, con otras zonas de la imagen)

Código A.12. Algoritmo surrogate2

```

1 function y = surrogate2(x,n)
2
3 % function [y]=surrogate2(x,n)
4 % sustituye la matriz de entrada x (que es de la forma MxN) por otra
   de salida y (MxN) de tal manera que esta ltima conserva
5 % la misma distribucion estadstica y el mismo espectro de amplitud
   que la
6 % matriz x de entrada.
7 % n es el numero de iteraciones o de veces que se reclasifica y se
   calcula
8 % el espectro
9
10 % F. Clari      2015
11
12 mod_patron=abs(fft2(x));
13
14 y=x;
15
16 lon=length(x(:));
17 [M,N]=size(x);
18 for k=1:n
19     y=reshape(reclasifica(y(:),M,N);           % funcin
               reclasifica F. Clari
20     espectro=fft2(y);
21     %modulo=abs(espectro);                     % en realidad el
               modulo no se necesita
22     fase=angle(espectro);
23     espectro=mod_patron.*exp(1i*fase);         %
               mod_patron.*exp(1i*fase);
24     y=real(ifft2(espectro));
25 end
26
27 if nargin==0
28     figure;
29     subplot(2,1,1),mesh(x),shading interp,grid on,
       view(65,65),title('seal
       original'),subplot(2,1,2),mesh(y),shading interp,grid on,
       view(65,65),title('seal sustituida')
30     figure;
31     hist(x(:),40),title('Histograma de la seal original'),grid on
32     figure;
33     hist(y(:),40),title('Histograma de la seal sustituida'),grid on

```


A.12 Algoritmo usado para generar una textura nueva con el mismo espectro de amplitud

```

34
35     resol=0;
36     if resol==1,
37         mody=fftshift(abs(fft2(y,128,128)));    % para ver con mas
            resolucion
38         mod_patron=abs(fft2(x,128,128));        % para ver con mas
            resolucion
39         [X1,Y1]=meshgrid(0:N-1+128,0:M-1+128);
40     end    % resol
41
42     mody=fftshift(abs(espectro));
43     [X1,Y1]=meshgrid(0:N-1,0:M-1);
44     figure , mesh(X1,Y1,fftshift(mod_patron)),shading interp ,grid on,
        view(-25,65) , title('espectro seal original');
45     figure , mesh(mody),shading interp ,grid on, view(-25,65)
        , title('espectro seal sustituida');
46 end
47 end
48
49 %     la funcin 'reclasifica' se ubica en el mismo archivo ya que
        normalmente
50 %     ser usada por la funcin 'surrogate'
51
52 function sdes=reclasifica(serie);
53
54 % la funcin sdes=reclasifica(serie) aleatoriza una serie de tal
        forma que la seria de salida sdes tiene la misma distribucin
55 %
56 %     F. Clari     2011
57
58 lon=length(serie);
59 [enorden,indice]=sort(serie);
60 %sdes(indice)=(1:lon);    % caso de querer de salida una serie de
        numeros enteros
61 sdes(indice)=serie;
62 end

```